

***Yersinia pestis* im frühbronzezeitlichen Gräberfeld von Drasenhofen. Die derzeit ältesten Pesttoten Österreichs in ihrem kulturhistorischen Kontext**

Gunnar U. Neumann

Fabian Kanz

Anja Furtwängler

Kurt Fiebig

Domnika Verdianu

Philipp W. Stockhammer

Katharina Rebay-Salisbury

Zusammenfassung

Der Nachweis der derzeit ältesten Pesttoten Österreichs erfolgte im Rahmen einer interdisziplinären Analyse der frühbronzezeitlichen Bestattungen aus Drasenhofen. Die männlichen Individuen, die im Alter von 23–30 bzw. 22–27 Jahren verstarben, wurden nicht weit voneinander im nordöstlichsten bzw. südöstlichsten Grab des insgesamt 22 Gräber umfassenden Reihengräberfeldes bestattet. Trotz der räumlichen und zeitlichen Nähe wiesen die genetischen Pathogenanalysen zwei unterschiedliche Stämme von Pestbakterien (*Yersinia pestis*) nach. Es handelte sich damit also nicht um eine Infektion, die innerhalb der bronzezeitlichen Gruppe weitergegeben wurde, sondern um zwei unabhängige Infektionsereignisse. In diesem Artikel werden die phylogenetischen Positionen der beiden *Yersinia pestis*-Stämme im Vergleich zu anderen bislang bekannten urgeschichtlichen, historischen und modernen Pestgenomen dargestellt und biologische Grundlagen möglicher Übertragungswege diskutiert. Zudem wird im Vergleich mit ähnlichen anthropologischen und archäologischen Kontexten ein Versuch einer kulturhistorischen Einordnung unternommen.

Schlüsselbegriffe

Frühbronzezeit, Österreich, Drasenhofen, Pest, *Yersinia pestis*, soziale Stellung, bronzezeitliche Gesellschaft

Abstract – *Yersinia pestis* in the Early Bronze Age Cemetery of Drasenhofen. The Currently Oldest Plague Deaths in Austria in their Cultural-Historical Context

Within the framework of an interdisciplinary analysis of the Early Bronze Age burials from Drasenhofen, evidence was found for what are currently the oldest plague victims in Austria. The male individuals, who died at the age of 23–30 and 22–27 years, respectively,

were buried not far from each other in the north-easternmost and south-easternmost grave of the row cemetery comprising a total of 22 graves. Despite the spatial and temporal proximity, the genetic pathogen analyses detected two different strains of plague bacteria (*Yersinia pestis*). Thus, it was not one infection that was transmitted within the Bronze Age group, but two independent infection events. In this article, we present the phylogenetic positions of these two *Yersinia pestis* strains together with other prehistoric, historic and modern plague genomes known so far, discuss biological basics of transmission and possible transmission routes, and attempt a cultural-historical interpretation in comparison with similar anthropological and archaeological contexts.

Keywords

Early Bronze Age, Austria, Drasenhofen, plague, *Yersinia pestis*, social status, Bronze Age society

1. Einleitung

Der archäogenetische Nachweis des Pestbakteriums *Yersinia pestis* (*Y. pestis*)¹ und anderer Pathogene wie z. B. *Salmonella enterica*² und Hepatitis B Virus³ in Zähnen frühbronzezeitlicher Menschen verdeutlicht, dass

1 RASMUSSEN et al. 2015. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – RASCOVAN et al. 2019. – SUSAT et al. 2021. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – NEUMANN et al. 2022.

2 KEY et al. 2020.

3 KRAUSE-KYORA et al. 2018. – MÜHLEMANN et al. 2018. – KOCHER et al. 2021.

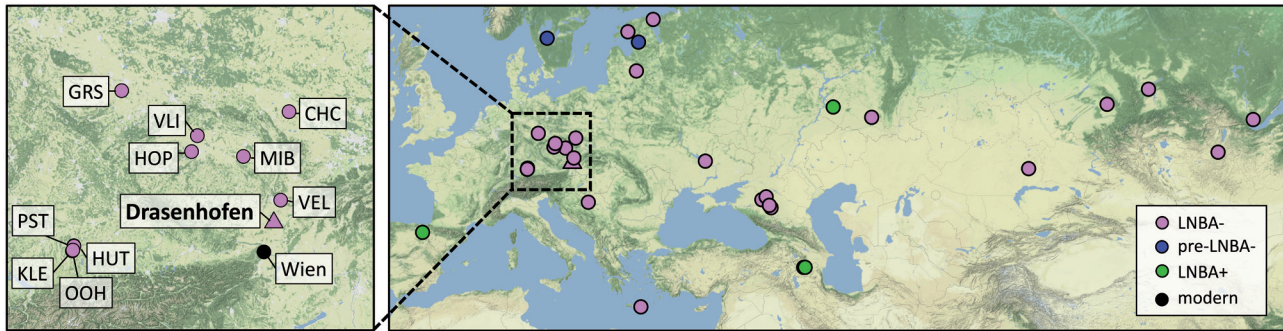


Abb. 1. Karte Eurasiens (rechts) mit archäologischen Fundorten, an denen *Y. pestis* aus dem Spätneolithikum und der Bronzezeit (LNBA) nachgewiesen wurde; der markierte Bereich ist vergrößert links dargestellt. Die farbliche Markierung entspricht der phylogenetischen Position aus Abb. 2: in Lila die nicht Floh-adaptierten *Y. pestis* LNBA-Stämme („LNBA-“, Nomenklatur nach ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022), in Blau die frühesten Stämme („pre-LNBA-“) und in Grün die Floh-adaptierten Stämme („LNBA+“). Die geografische Lage des modernen Wien dient der Orientierung. – Legende: CHC: Chociwel, Polen; GRS: Großstorkwitz, Deutschland; HOP: Hostivice-Palouky, Tschechien; HUT: Haunstetten, Deutschland; KLE: Kleinaitingen, Deutschland; MIB: Mikulovice, Tschechien; OOH: Oberottmarshausen, Deutschland; PST: Postillonstraße Augsburg, Deutschland; VEL: Velešovice, Tschechien; VLI: Vliněves, Tschechien.

Infektionskrankheiten schon lange Teil der Menschheitsgeschichte waren, auch wenn deren Präsenz in den wenigsten Fällen, etwa durch Läsionen an Knochen, offensichtlich ist. Die Weitergabe der Infektionen ist dabei nicht nur durch die spezifischen biologischen Eigenschaften der Krankheitserreger und ihrer Vektoren, sondern auch durch soziale und kulturelle Praktiken bedingt. In diesem Beitrag untersuchen wir den kulturellen Kontext der derzeit ältesten Pesttoten Österreichs aus dem frühbronzezeitlichen Gräberfeld von Drasenhofen, das im Zuge des Ausbaus der Trasse A5 Nordumfahrung Drasenhofen im Jahr 2018 von der Firma ArchaeoProtect ausgegraben und dokumentiert wurde (Abb. 1).⁴

Die Fundstelle steht in Zusammenhang mit Siedlungsresten der Aunjetitz- und Věteřov-Kultur (ca. 2150–1700 v. Chr.)⁵ und befindet sich in leichter Hanglage nördlich des Stützenhofer Baches. Das Gräberfeld Drasenhofen umfasst 22 Gräber, die in Süd-Nord-Orientierung in etwa fünf Reihen angelegt wurden, wobei in einem Grab keine menschlichen Überreste gefunden wurden. Zumeist handelt es sich um einzelne Hockerbestattungen, doch auch eine Doppel- und eine Vierfachbestattung kommen im Gräberfeld vor. Neben den im Gräberfeld Bestatteten gibt es im näheren Umfeld auch Individuen, die in ehemaligen Siedlungsgruben bestattet bzw. deponiert wurden.

Anthropologische Voruntersuchungen⁶ belegten einen außergewöhnlich guten Erhaltungszustand der geborgenen

Skelette, weshalb das Gräberfeld von Drasenhofen für eine interdisziplinäre Studie im Zuge des Projektes „The Value of Mothers to Society“ ausgewählt wurde. Das Geschlecht aller Individuen wurde mittels geschlechtsdimorpher Amelogenin-Proteinfragmente im Zahnschmelz durch Nanoflow-Flüssigkeitschromatografie-Tandem-Massenspektrometrie (nanoLC-MS/MS), einer neuen und nahezu zerstörungsfreien Methode,⁷ identifiziert.

In Zusammenarbeit mit dem Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie wurden genetische Verwandtschaftsbeziehungen unter allen bestatteten Individuen untersucht.⁸ Überraschenderweise erbrachten die Untersuchungen neben den menschlichen Genomen auch den Nachweis des Pesterregers *Yersinia pestis* bei zwei erwachsenen Männern aus dem Gräberfeld. Dieses Bakterium, dessen Genom ein zirkuläres Chromosom von ca. 4,65 Mbp Länge sowie die drei Plasmide pCD1, pMT1 und pPCP1, die in unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen und die Gene für wichtige Virulenzfaktoren tragen, umfasst, war der Auslöser für mindestens drei historisch dokumentierte Pandemien: die Justinianische Pest im 6. Jahrhundert n. Chr., den Schwarzen Tod im 14. Jahrhundert n. Chr. und die 3. Pestpandemie, die zum Ende des 19. Jahrhunderts n. Chr. begann.

⁷ REBAY-SALISBURY et al. 2020. – REBAY-SALISBURY et al. 2022.

⁸ Für die DNA-Analysen wurden 32 Individuen beprobt, wobei Zähne aufgrund der potentiellen Pathogen-DNA-Erhaltung bevorzugt wurden. Nur bei vier Individuen musste auf andere Proben ausgewichen werden, weshalb *Tarsi* der Individuen DSH014 und DSH023 sowie *Pars petrosa* bei DSH026 und DSH032 beprobt wurden.

⁴ HORVÁTH 2019.

⁵ STOCKHAMMER et al. 2015.

⁶ KANZ 2019.

2. Genetische und proteinbasierte Analysen

Für die genetische Untersuchung des Individuums DSH008 (Obj361/FN718) wurde ein Eckzahn (FDI 23) und für DSH025 (Obj327/FN709) ein Schneidezahn (FDI 21) beprobt. Dazu wurde die Krone direkt am Zahnhals von der Wurzel getrennt und das Dentin der Krone mit einem Zahnarztbohrer beprobt.⁹ Im Inneren der Zahnkrone verlief die Zahnpulpa mit kleinen Blutgefäßen, weshalb deren Beprobung die Möglichkeit bietet, Krankheitserreger zu detektieren, die sich zum Zeitpunkt des Todes des Individuums im Blut befanden.¹⁰

Die Menge an Pulver aus dem Dentin der Krone betrug für DSH008 30,4 mg und für DSH025 21 mg. Aus dem Pulver wurde die DNA extrahiert¹¹ und in eine *sequencing library* transformiert.¹² Die anschließende Sequenzierung eines kleinen Teils der *library* ohne vorherige Selektion (*Shotgun* Sequenzierung) erfolgte auf einem Illumina HiSeq4000.

Die hierbei erhaltenen Daten wurden verwendet, um das genetische Geschlecht der Individuen zu bestimmen und auf das Vorhandensein von Pathogen-DNA zu untersuchen. Übereinstimmend mit der Proteinanalyse wurden beide Individuen als männlich bestimmt, indem die sequenzierten Fragmente der menschlichen Referenz zugeordnet und anschließend das Verhältnis der Fragmente auf dem X- bzw. Y-Chromosom zu den Fragmenten der Autosome berechnet wurde. Die Bestimmung des relativen Anteils moderner DNA-Kontamination mit Hilfe des Tools AuthenticCT¹³ ergab für beide Proben 0,1 % (DSH008 0,1 % ± 1,35 und DSH025 0,1 % ± 1,94).

Mit der *Screening Pipeline* HOPS,¹⁴ die speziell für alte DNA entwickelt wurde, wurden die Proben außerdem auf DNA von Krankheitserregern untersucht. Im ersten Schritt wurden die Sequenzierdaten mit dem Programm MALT v0.4.0¹⁵ mit einer selbst erstellten RefSeq-Datenbank verglichen, die alle 2017 verfügbaren, kompletten bakteriellen und viralen Genome sowie ausgewählte eukaryotische Pathogengenome und die menschliche Referenzsequenz GRChH38 enthielt. Das *mapping* wurde im BlastN-Modus und *semi-global alignment* Typ bei einer mindestens 90 %igen Identität (--minPercent_identity) durchgeführt.

Im zweiten Schritt, MALTEExtract v1.5,¹⁶ wurden die Ergebnisse dann entsprechend einer Liste von Pathogenen,¹⁷ die von besonderem Interesse für die Studie waren, gefiltert. Sequenzen, die Spezies von dieser Liste zugeordnet wurden, wurden außerdem auf ihre Authentizität überprüft. Kriterien hierfür waren deren gleichmäßige Verteilung entlang des Referenzgenoms, ein Verteilungsmuster von chemischen Modifikationen, das typisch für alte DNA ist, sog. aDNA-Schadensmuster, als auch eine abnehmende Lebenszeit-Distanz von Sequenzen ohne sowie mit aDNA-Schaden zur Referenz. Beide Proben DSH008 und DSH025 erfüllten die genannten Kriterien für das Vorhandensein von alter DNA des Pestbakteriums *Y. pestis*.

Daraufhin wurde jeweils eine weitere DNA-*library* angefertigt, diesmal mit vorheriger Behandlung mit USER-Enzym,¹⁸ um so aDNA-Schäden in der Form von C>T-Substitutionen zu verringern.¹⁹ Alle *libraries* wurden dann speziell auf das Erbgut von *Y. pestis* angereichert,²⁰ und auf einem Illumina HiSeq4000 sequenziert. Die Daten wurden mit der nf-core/eager *pipeline* v2.4.4²¹ dem *Y. pestis* CO92 Referenzgenom (NC_003143.1) sowie den Plasmiden pCD1 (NC_003131.1), pMT1 (NC_003134.1) und pPCP1 (NC_003132.1) zugeordnet. Dazu wurden die Illumina Sequenzieradapter mit Adapterremoval v2.3.2²² entfernt und mit fastx_trimmer v0.01.14²³ zusätzlich je eine *base* vom 5'- und 3'-Ende von den Sequenzen der USER-Enzym-behandelten *libraries* entfernt. Die Zuordnung wurde mit BWA v0.7.17²⁴ durchgeführt, wobei strikte Parameter (--bwaaln 32 und --bwaaln 0.1) für die beschnittenen UDG-Libraries und lockere Parameter (--bwaaln 16 und --bwaaln 0.01) für die unbehandelten *libraries* sowie ein Qualitätsfilter von 37 verwendet wurden. Duplikate wurden mit Picard MarkDuplicates v2.26.0²⁵ entfernt. Beide Bam-Files einer Probe wurden anschließend mit Samtools v1.3²⁶ zusammengefasst und mit dem UnifiedGenotyper des *Genome Analysis Tool Kit* GATK v3.5²⁷ mit der EMIT-ALL-SITES-Option

9 NEUMANN et al. 2020.

10 DRANCOURT et al. 1998.

11 ROHLAND et al. 2018.

12 GANSAUGE et al. 2020.

13 PEYRÉNE, PETER 2020.

14 HÜBLER et al. 2019.

15 VÂGENE et al. 2018.

16 HÜBLER et al. 2019.

17 https://github.com/rhuebler/HOPS/blob/external/Resources/default_list.txt (letzter Zugriff 9.5.2023).

18 ROHLAND et al. 2018. – GANSAUGE et al. 2020.

19 ROHLAND et al. 2015.

20 ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017.

21 FELLOWS YATES et al. 2021.

22 SCHUBERT, LINDGREEN, ORLANDO 2016.

23 http://hannonlab.cshl.edu/fastx_toolkit/ (letzter Zugriff 9.5.2023).

24 LI, DURBIN 2010.

25 DEPRISTO et al. 2011.

26 <http://www.htslib.org/doc/1.1/samtools.html> (letzter Zugriff 9.5.2023).

27 DEPRISTO et al. 2011.

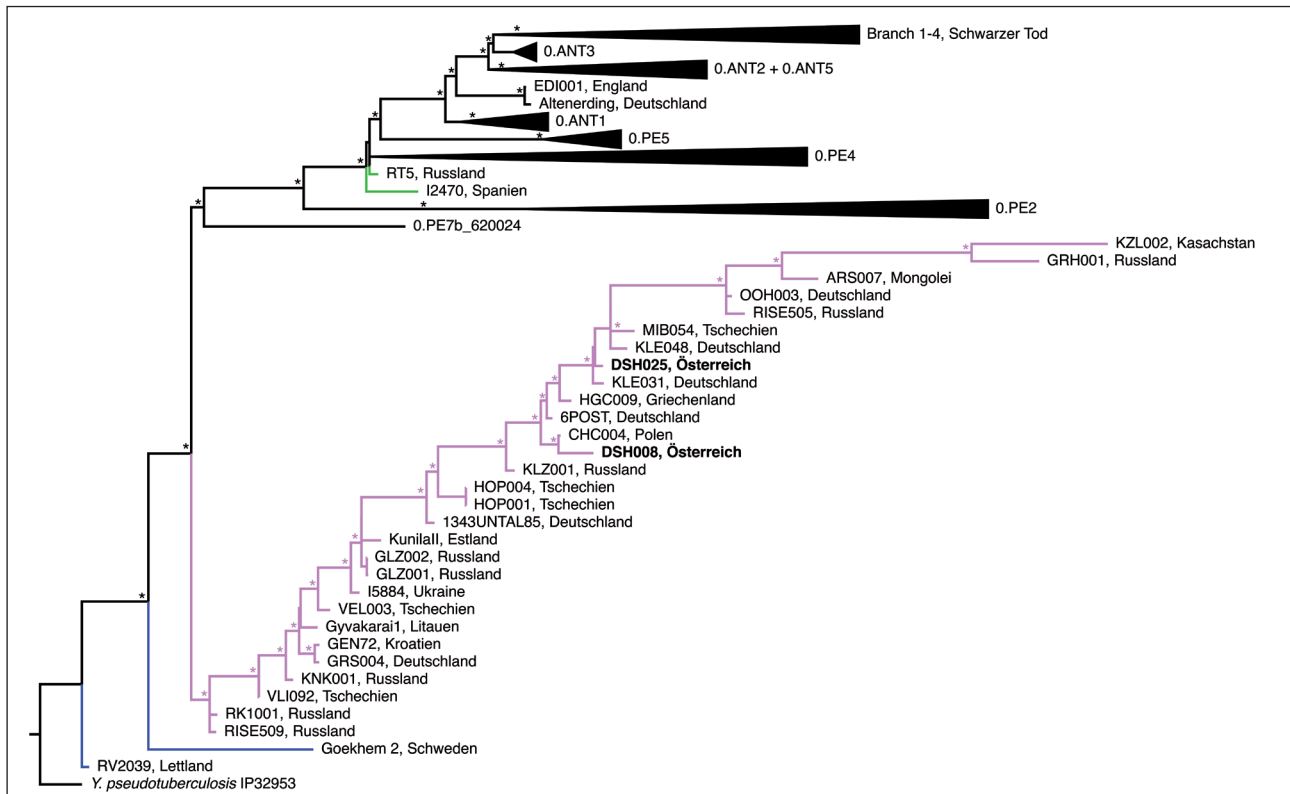


Abb. 2. Phylogenetischer Baum mit größter Plausibilität von *Y. pestis*, basierend auf 7679 SNPs. Die LNBA-Klade der nicht Floh-adaptierten *Y. pestis*-Stämme ist in Lila dargestellt, die älteren Genome aus Schweden und Lettland in Blau, und die Floh-adaptierten bronzezeitlichen Stämme aus Russland und Spanien in Grün. Sternchen kennzeichnen Bootstrap-Werte > 97.

Individuum	Arch. ID	Alter (Jahre)	¹⁴ C-Datierung (cal. v. Chr.)	Raw DNA Reads	Durchschnittliche Abdeckung (x-fach)			
					Chromosom	pCD1	pMT1	pPCP1
DSH008	Obj361/FN718	23–30	2128–1931	29.590.406	12,0	31,6	14,6	90,5
DSH025	Obj327/FN709	22–27	2026–1884	37.621.995	6,6	16,0	8,2	41,8

Tab. 1. Metadaten und *Y. pestis* Mappingstatistik für die Pesttoten DSH008 und DSH025.

genotypisiert. Für die phylogenetische Analyse wurde das SNP (*single nucleotide polymorphism*) alignment nach Aida Andrades Valtueña et al.²⁸ mittels MultiVCFAnalyser²⁹ produziert und falsch-positive SNPs entfernt.³⁰

Ein phylogenetischer Baum mit größter Plausibilität (*maximum likelihood phylogenetic tree*) wurde davon mit RAxML-ng³¹ berechnet und Bootstrap-Werte mit 1000 Stichproben bestimmt (Abb. 2). Insgesamt wurde so eine durchschnittlich 12-fache Abdeckung des Pestgenoms

für DSH008 und eine 6,6-fache für DSH025 erreicht. Für die Plasmide pCD1, pMT1 und pPCP1 wurde eine 31,6-fache, 14,6-fache und 90,5-fache Abdeckung für DSH008 bzw. eine 16-fache, 8,2-fache und 41,8-fache Abdeckung für DSH025 erreicht (Tab. 1). Die paarweise genetische Distanz zwischen den Proben wurde anhand der SNP-Tabelle mit MEGA X v10.1.8 berechnet.³² Nicht eindeutige SNPs („N“) wurden dabei nicht berücksichtigt.

3. Der nordöstliche Pesttote aus Drasenhofen

Das Individuum DSH008 aus Objekt 361 (Fnr. 361-812-718) ist männlich. Auch wenn der Unterkieferknochen

²⁸ ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

²⁹ BOS 2014.

³⁰ ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – NEUMANN et al. 2022.

³¹ KOZLOV et al. 2019.

³² KUMAR et al. 2018.



Abb. 3. Halswirbelsäule des Individuums DSH008 mit deutlichen Wirbelsäulenkompressionen.

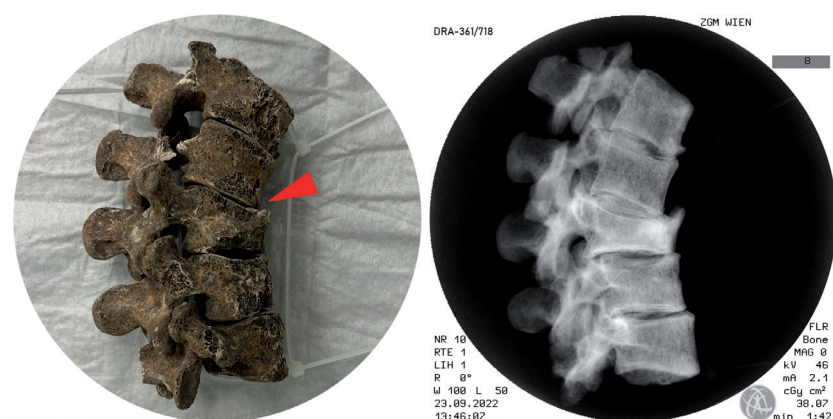


Abb. 4. Lendenwirbelsäule des Individuums DSH008 mit deutlichen Wirbelsäulenkompressionen.

wegen seiner geringen Größe und Robustizität morphologisch zunächst als weiblich bestimmt wurde, konnte das für Männer diagnostische AMELY_HUMAN-Peptid eindeutig nachgewiesen werden. Die Geschlechtsbestimmung wurde durch die genetischen Analysen bestätigt.

Aufgrund der noch deutlichen Narbenbildung der medialen Wachstumsfugen der Schlüsselbeine und des schon ausgeprägten Zahnabriebes im Ober- und Unterkiefer kann für den Verstorbenen ein Alter zwischen 23 und maximal 30 Jahren zum Zeitpunkt des Todes angenommen werden. Das vollständige Gebiss ist frei von Karies und weist lingual lediglich eine geringe Zahnsteinbildung auf. Zusammen mit dem altersgemäß starken Zahnabrieb ist dies ein Hinweis auf eine vorwiegend grobe und abrasive Nahrung.³³

Mit $170,8 \pm 5,0$ cm Körpergröße³⁴ und einem Body-Mass-Index (BMI)³⁵ von 22,7 zeigt sich dieser Mann für die Frühbronzezeit im ostösterreichischen Raum³⁶ überdurchschnittlich groß und ausgesprochen schlank.

Eine nicht altersgemäße Abnutzung der Hals- und Lendenwirbelsäule, höchstwahrscheinlich aufgrund traumatischer Geschehnisse, ist besonders auffällig. Der dritte und vierte Wirbel der Halswirbelsäule ist fusioniert (Abb. 3). Als Ursache ist ein Trauma anzunehmen, da für das Klippel-Feil-Syndrom der Interzervikalabstand für die Bandscheibe noch zu deutlich angelegt erscheint und auch beide Dornfortsätze abgegrenzt sind.³⁷ Am dritten Lendenwirbel ist ein verheilter Deckplatteneinbruch zu beobachten (Abb. 4).

³⁴ TROTTER 1970.

³⁵ RUFF et al. 2012.

³⁶ TESCHLER-NICOLA 1994. – SIEGMUND 2010.

³⁷ AUFDERHEIDE, RODRIGUEZ-MARTIN 1998. – WEBER 2022.

³³ WATSON, SCHMIDT 2020.

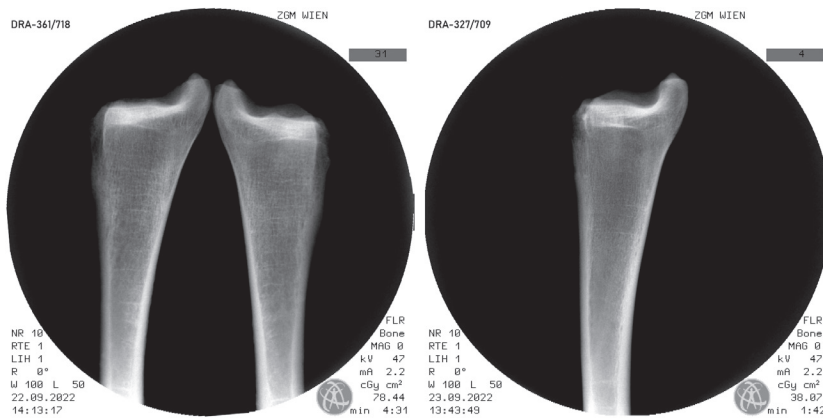


Abb. 5. Röntgenbild der distalen *Tibiae* von Individuum DSH008 (links) und Individuum DSH025 (rechts).

Beide Wirbelsäulenverletzungen – Kompressionen der Wirbelsäule – könnten durchaus bei demselben (Unfall-)Geschehen entstanden sein, etwa bei einem Sprung aus großer Höhe. Selbst die ausgeheilte Verletzung beeinträchtigte diesen Mann sicherlich zeitlebens und erklärt den überdurchschnittlichen Abnutzungsgrad der restlichen Wirbelsäule.

Die auffällige Insertionstendinopathie der *Peroneus longus*-Sehne am linken Fersenbein ist möglicherweise ebenfalls auf die verletzungsbedingte körperliche Fehllage des Individuums zurückzuführen. Aufgrund der Tiefe der Einziehung ist davon auszugehen, dass das Zustandsbild zumindest fünf Jahre lang bestanden haben muss.³⁸

Das Röntgenbild der körperfernen Schienbeine zeigt mehrere Wachstumsstillstandslinien (Abb. 5, links), die auf unspezifische, unter anderem auch entzündungsbedingte Stresssituationen während des Heranwachsens hindeuten.³⁹ An den inneren Knochenoberflächen der Rippen konnten jedoch keine Knochenauflagerungen festgestellt werden, die in Zusammenhang mit chronischen Entzündungsprozessen in der Brusthöhle gebracht werden könnten.

Der Tote befand sich im nordöstlichsten Grab des Gräberfeldes, dessen Grabgrube mit gerundeten Ecken 252 cm lang, 93 cm breit und 37 cm tief war und dessen Orientierung von der Nord-Süd-Achse etwa 12° in Richtung Osten abwich. Die Grabverfüllung wurde als schwarz, bröselig und weich beschrieben und als schluffiger Sand mit Einschlüssen von Lösskindeln klassifiziert.

Im Grab befanden sich zwei Individuen (Abb. 6), wobei das chronologische und stratigrafische Verhältnis der

beiden Körperdepositionen nicht eindeutig geklärt werden konnte. Zunächst wurde vermutet, dass DSH009 (Fnr. 361-813-723), eine 35–44-jährige Frau, später seitlich zum Leichnam des Mannes gelegt wurde.⁴⁰ Dabei hätte es zu einer Verlagerung der unteren Extremitäten des Mannes kommen können.

Denkbar ist aber auch, dass das weibliche Individuum zunächst Süd-Nord-orientiert in Hockerlage im Grab bestattet worden war, und bei der Wiederöffnung des Grabes noch teilweise im Sehnenverband verlagert und im nordöstlichen Teil des Grabes zu einem Knochenpaket in der Ecke zusammengeschoben wurde, um dem männlichen Toten Platz zu machen.

Das Individuum DSH008 (Fnr. 361-812-718) nahm den Großteil des Grabes ein und wurde in Rückenlage aufgefunden, mit über dem Brustkorb verschränkten Armen und leicht zur rechten Seite gekippten Knien. Die fixierte Lage der Arme könnte auf ein Einwickeln in ein Leichentuch schließen lassen, während die Position der Ober- und Unterschenkel zueinander nahelegt, dass die angezogenen Beine in einem Hohlraum verwesten und schließlich verstürzten.⁴¹ Eine Wiederöffnung des Grabes nach der Bestattung beider Individuen kann nicht ausgeschlossen werden.

Das einzige Objekt, das eindeutig als Grabbeigabe gedeutet werden kann, befand sich an der linken Seite des Unterschenkels von DSH008. Bei dem Gefäß Fnr. 361-790-558 (Abb. 7) handelt es sich vermutlich um die Fragmente einer Tasse, auch wenn Boden und Henkel fehlen. Das Gefäß ist unverziert, aus relativ feinem, steinchenhaltigen Ton unregelmäßig geformt, besitzt einen gerundeten Mundsäum, ein

³⁸ Persönliche Mitteilung eines Facharztes für Orthopädie.

³⁹ ALFONSO, THOMPSON, STANDEN 2005. – PAPAGEORGOPOULOU et al. 2011.

⁴⁰ HORVÁTH 2019, 75.

⁴¹ DUDAY 2009.



Abb. 6. DSH009 (Fnr. 361-813-723), eine 35–44-jährige Frau, und DSH008 (Fnr. 361-812-718), ein Mann, der im Alter von 23–30 vermutlich an *Y. pestis* verstarb.

s-förmig geschwungenes Profil und einen mittigen, weichen Bauchumbruch. Tassen wie diese zählen zu den typischen und häufigsten Grabbeigaben der Aunjetitz-Kultur.⁴²

Im Brustbereich der Frau und beim rechten Ellbogen des Mannes befanden sich etwa 10 cm große Sandsteine, die eventuell als Reibsteine in Verwendung gewesen sein könnten (Fnr. 361-790-717, 361-790-722). Zwei größere Steine (Fnr. 361-790-724) flankieren die Ostwand des Grabes.

Die Grabverfüllung enthielt des Weiteren Hüttenlehmfragmente (Fnr. 361-790-720), taphonomisch veränderte, unspezifische Keramikfragmente (Fnr. 361-790-719) sowie einige Tierknochen juveniler Schafe/Ziegen (Fnr. 361-790-716), die sich allesamt aus der Nähe zur bronzezeitlichen Siedlung erklären lassen.

4. Der südöstliche Pesttote aus Drasenhofen

Der andere Pesttote, Individuum DSH025 mit der Fundnummer 709 aus Objekt 327, ist ebenfalls sowohl AMELY-diagnostiziert als auch nach der genetischen Analyse männlich. Er war zum Zeitpunkt seines Todes etwas jünger als Individuum DSH008, am wahrscheinlichsten zwischen 22 und 27 Jahre alt, wie die verknöcherten Wachstumsfugen der medialen *Claviculae* und die noch geringe Zahnabrasion belegen. Das vollständige Gebiss ist fast völlig kariesfrei, lediglich der zweite Mahlzahn im rechten Oberkiefer weist



Abb. 7. Tassenfragment Fnr. 361-790-558, das im Unterschenkelbereich des Individuums DSH009 gefunden wurde.

eine fulminante Kronenkaries auf. Die Zahnsteinbildung sowohl bukkal als auch lingual ist zum Teil massiv ausgeprägt. Das Zustandsbild des Gebisses weist, wie schon bei Individuum DSH008, auf eine vorwiegend grobe und abrasive Nahrung mit geringer Kariogenität hin.

Mit einer Körperhöhe⁴³ von 165,6 ± 5,0 cm, einem BMI⁴⁴ von 26,7 sowie robusten Langknochen war er durchschnittlich groß und von gedrungener Körpergestalt. An beiden Oberarmknochen waren Enthesiopathien an

42 NEUGEBAUER 1994. – LAUERMANN 2003. – RETTENBACHER 2004.

43 TROTTER 1970.

44 RUFF et al. 2012.



Abb. 8. Fraktur des rechten *Femurs* von Individuum DSH025.

Muskelaansätzen zu sehen, die auf schwere körperliche Arbeit über mehrere Jahre hinweg hindeuten.⁴⁵

Der rechte Oberschenkel wurde perimortal, also um den Todeszeitpunkt herum, in der Schaftmitte frakturiert (Abb. 8). Ist diese Verletzung zu Lebzeiten passiert, war sie aufgrund ihres Schweregrades potenziell tödlich. Es kann allerdings nicht ausgeschlossen werden, dass dieser Oberschenkelschaftbruch nach dem Tod erfolgt ist.

Auch bei diesem Individuum waren keine Knochenauflagerungen als chronische Entzündungszeichen an den inneren Knochenoberflächen der Rippen festzustellen. Im Gegensatz zu Individuum DSH008 konnten im Röntgenbild der körperfernen Schienbeine bei diesem Individuum auch keine Wachstumsstillstandslinien festgestellt werden (Abb. 5, rechts).

Der Tote wurde im südöstlichsten Grab des Gräberfeldes bestattet, in einer Grabgrube, die mit 138 cm Länge und 81 cm Breite für einen Erwachsenen klein dimensioniert war (Abb. 9). Die Grabgrube mit gerundeten Ecken war 17 cm tief und wick in der Orientierung um etwa 17° von der Nord-Süd-Achse in Richtung Osten ab. Die Verfüllung der Grabgrube erschien dunkelbraun, bröselig und steif und wurde als schluffiger Sand mit Einschlüssen von Lösskindeln beschrieben.

Bei der Bestattung in rechter Hockerlage mit dem Kopf nach Süden kamen Schädel und Rücken entlang der westlichen und südlichen Grabgrubenwand zu liegen. Die Hände lagen vor der Stirn und die Beine waren stark an den Körper gezogen. Unter anderem lässt die Lage der *Patellae* darauf schließen, dass der Körper nicht in einem offenen Raum oder Sarg, sondern von Sedimenten beschwert verweste.⁴⁶ Außer leichten Dislozierungen durch Bioturbation wurden keine Spuren von Grabstörungen beobachtet.

Lediglich ein Keramikfragment (Fnr. 327-716-707) wurde im Grabbereich dokumentiert, das nicht als intentionelle Beigabe angesprochen werden kann. Es handelt

sich um ein unverziertes, 13 g schweres und 18 mm dickes Wandfragment aus rötlich-grauer, steinchendurchsetzter Ware, dessen Oberfläche und Bruchkanten auf Verlagerungsprozesse hindeuten.

5. Kulturhistorischer Kontext und Datierung

Das Gräberfeld von Drasenhofen ist, wie die ebenfalls vor kurzem bioarchäologisch untersuchten und in unmittelbarer Nähe gelegenen Gräberfelder Unterhautzenthal⁴⁷ und Schleinbach,⁴⁸ dem frühbronzezeitlichen⁴⁹ Aunjetitz-Kulturkomplex zuzurechnen, der sich von Thüringen und Sachsen über Böhmen und Mähren nach Schlesien und der Slowakei bis nach Niederösterreich nördlich der Donau erstreckt. Charakteristisch sind kleine dörfliche Ansiedlungen in der Nähe von Bächen und Flüssen, in denen Landwirtschaft betrieben und Tiere gehalten wurden. Die hohe Diversität von Weizenarten wie Einkorn, Emmer und Dinkel sowie Gerstenarten wie Spelz- und Nacktgerste⁵⁰ und die Kohlenstoff/Stickstoff-Isotopenverhältnisse der Skelette⁵¹ sprechen für eine getreidebasierte Ernährungsweise. Unter den Haustieren waren Rind, Schaf, Ziege und Schwein am häufigsten, Wildtiere spielten nur eine untergeordnete Rolle.⁵² Die materielle Kultur der Aunjetitzgruppen in Niederösterreich spricht für Subsistenzwirtschaft und eigener Herstellung von Keramik, Kleidung und Schmuck. Bronze wurde nur in limitiertem Umfang für Schmuckstücke wie Drahringe, Spiralröllchen und Nadeln sowie vereinzelt für Ahlen und Dolche verwendet.

Die zu den Siedlungen gehörigen Gräberfelder sind klein und reflektieren wohl Familienverbände. Interessant ist, dass die meisten Individuen in reihenförmig angelegten,

45 SCHLECHT 2012. – FOSTER, BUCKLEY, TAYLES 2014.

46 DUDAY 2009.

47 LAUERMANN 1995. – REBAY-SALISBURY et al. 2018.

48 PANY-KUCERA et al. 2020. – REBAY-SALISBURY et al. 2020.

49 Ca. 2150–1700 BC, vgl. STOCKHAMMER et al. 2015.

50 GYULAI 2019.

51 Die Kohlenstoff/Stickstoff-Isotopenverhältnisse werden bei der Radiokarbondatierung mitgemessen und lagen bei allen Individuen durchwegs bei 3.2.

52 GALIK, EMRA, PACHER 2019.

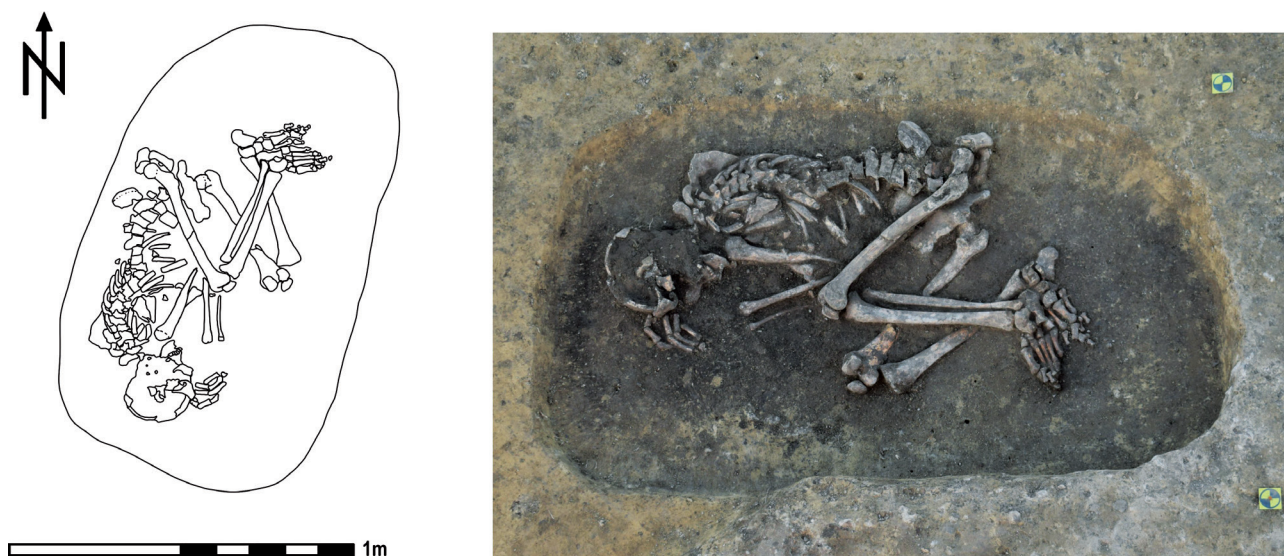


Abb. 9. DSH025 (Fnr. 327-722-709), ein Mann, der im Alter von 22–27 Jahren vermutlich an *Y. pestis* verstarb.

individuellen Gräbern bestattet wurden, aber auch Doppel- und Mehrfachbestattungen vorkommen. Zudem sind sehr häufig menschliche Überreste in ehemaligen Speichergruben zu finden, wobei es hier sowohl sorgfältig bestattete als auch fragmentierte und deponierte Individuen gibt.⁵³ Von den 58 Toten aus Unterhautzenthal stammen 39 aus Einzelgräbern, acht aus Doppelgräbern, sechs aus dreifach belegten Gräbern und fünf Individuen wurden in Gruben gefunden.⁵⁴ In Schleinbach wurden die Überreste von 63 Individuen gefunden, wobei 18 bzw. 24 Bestattungen zwei Grabgruppen zuzurechnen waren, sieben Individuen in Gruben bestattet waren und weitere drei Gruben menschliche Überreste enthielten.⁵⁵

In Drasenhofen zeigt sich ein ähnliches Bild. Die meisten der 22 in Reihen angelegten Gräber sind einzeln belegt, in der nördlichsten Reihe befinden sich jedoch eine Vierfach- und eine Doppelbestattung. Zudem wurden vier Individuen in Gruben gefunden. Mit 15 weiblichen und 14 männlichen Individuen ist das Geschlechterverhältnis ausgewogen. Elf Individuen starben, bevor sie das 20. Lebensjahr erreicht hatten. Zur Gruppe der Subadulten gehören ein *Neonatus*, vier Kinder unter 6 Jahren, drei Kinder zwischen 6 und 12 Jahren sowie drei weibliche Jugendliche. Von den 18 erwachsenen Individuen verstarben zehn zwischen 20 und 40 Jahren, sechs weitere bis 45; nur ein Mann verstarb zwischen 40 und 50 und eine Frau zwischen 50 und 60. Auch

17 der 117 untersuchten Siedlungsbefunde enthielten neben Tierknochen menschliche Überreste.⁵⁶

Die Toten von Drasenhofen wurden ungeachtet ihres Alters oder Geschlechts Süd-Nord-orientiert niedergelegt, zumeist in rechter Seitenlage oder Rücken-Seitenlage mit nach rechts gekippten Knien. Die meisten Gräber wurden gestört aufgefunden, nur die Gräber der nördlichen und südlichen Reihe blieben weitgehend unangetastet. Die beiden Pesttoten wurden etwa 18 m voneinander entfernt jeweils in östlicher Randlage in der nördlichen und südlichen Reihe bestattet (Abb. 10).

Trachtbestandteile aus dem Gräberfeld von Drasenhofen umfassten Armreifen, Noppenringe, Spiralröllchen und Nadeln sowie Mollusken- und Knochenschmuck; Schalen, Tassen, Näpfe und (Henkel-)töpfe enthielten wohl Speisen und Getränke. Nicht nur aufgrund des hohen Beiraubungsanteils macht das Gräberfeld den Eindruck einer Gemeinschaft mit bescheidenen Mitteln. Während DSH008 mit einer Tasse bestattet wurde, blieb DSH025 gänzlich beigabenlos. Da DSH008 im Gegensatz zu DSH025 eventuell post-funeral gestört war, ist bei der nördlichen Bestattung möglich, dass Trachtbestandteile und Beigaben aus dem Brustbereich entnommen worden waren. Grünfärbungen von bronzenen Beigaben⁵⁷ wurden jedoch nicht beobachtet.

Aufgrund erster Radiokarbondatierungen wurde die Nutzung des Gräberfeldes zunächst zwischen 2040 und

⁵³ LAUERMANN 1992. – LAUERMANN 1997.

⁵⁴ REBAY-SALISBURY et al. 2018.

⁵⁵ PANY-KUCERA et al. 2020.

⁵⁶ GALIK, EMRA, PACHER 2019.

⁵⁷ SPRENGER 1999.

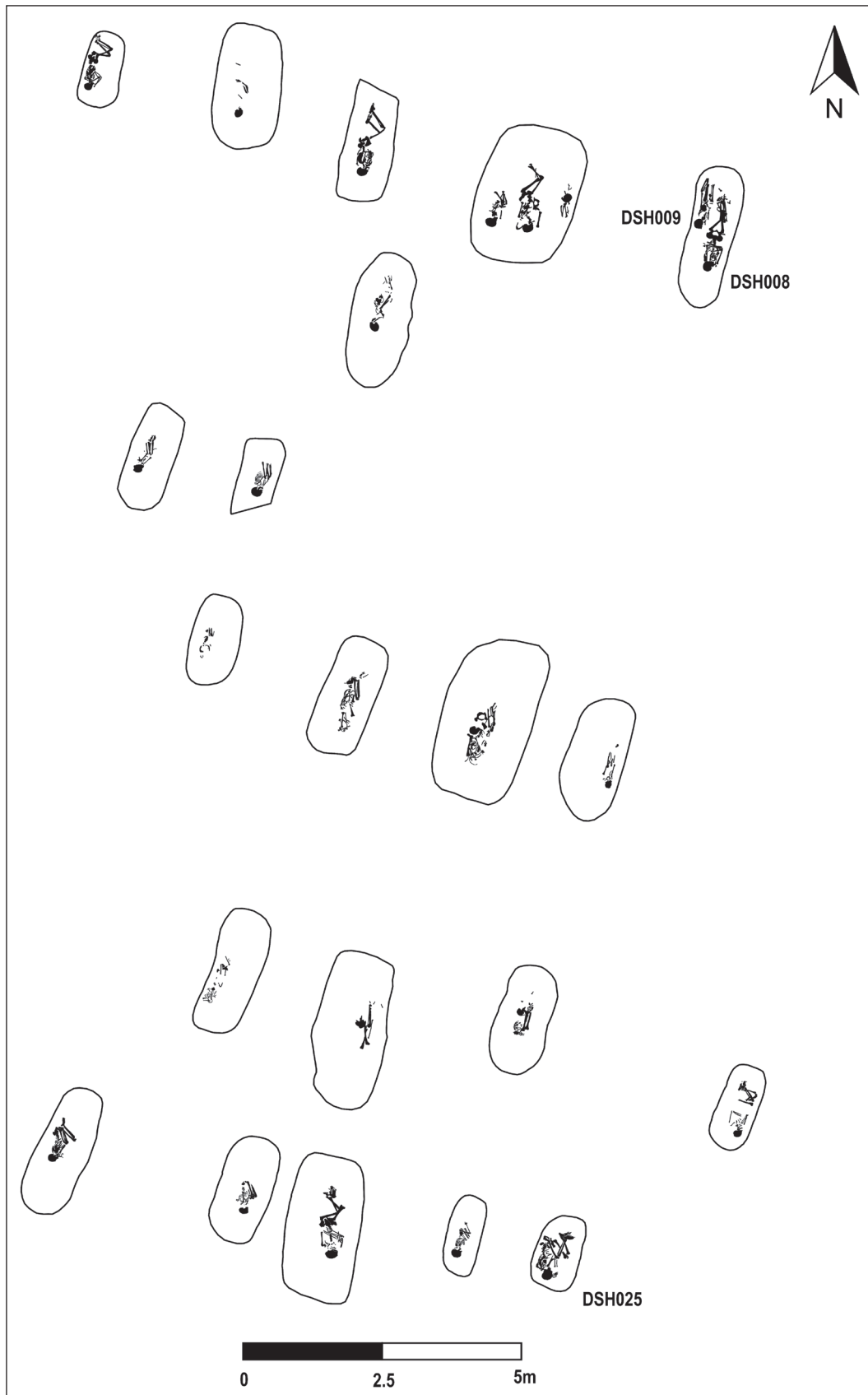


Abb. 10. Plan des frühbronzezeitlichen Gräberfeldes von Drasenhofen mit den Gräbern der Individuen DSH008 aus Objekt 361 und DSH025 aus Objekt 327, bei denen *Y. pestis* nachgewiesen wurde.

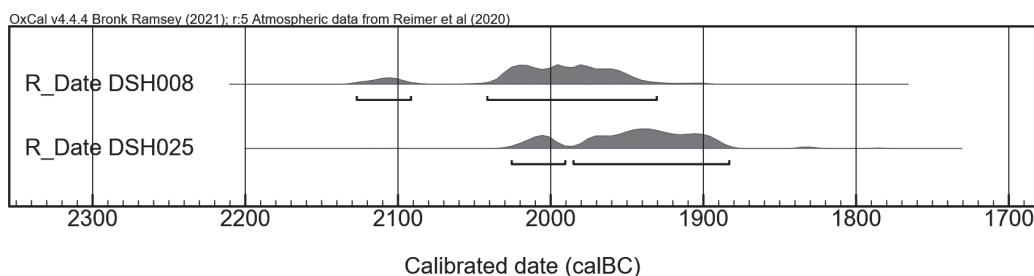


Abb. 11. Kalibrierung der ^{14}C -Daten der beiden Pesttoten aus Drasenhofen.

1894 v. Chr. angegeben.⁵⁸ Die Belegung des Gräberfeldes dürfte wenige Generationen umfasst haben und fällt in den Zeitrahmen der klassischen Aunjetitz-Kultur.⁵⁹

Für die ^{14}C -Datierung der Individuen wurden die beiden Zahnwurzeln an das Curt-Engelhorn-Center Archaeometry gGmbH in Mannheim geschickt. Für DSH008 (MAMS-55786) ergab diese ein Alter von 3635 ± 21 Jahren, für DSH025 (MAMS-57268) ein Alter von 3590 ± 24 Jahren. Nach einer Kalibrierung mittels OxCal⁶⁰ entspricht dies mit einer Wahrscheinlichkeit von 95,4 % dem Zeitraum 2128 bis 1931 bzw. 2026 bis 1884 v. Chr. (Abb. 11).

6. Frühe Peststämme und ihre Übertragung

Das Pestbakterium *Y. pestis* wurde erstmals im Zusammenhang mit der dritten Pestpandemie beschrieben, die 1855 in China ausbrach.⁶¹ Schnell wurden Vermutungen laut, dass es auch für andere historisch dokumentierte Pandemien wie die Justinianische Pest im 6. Jahrhundert n. Chr. und den Schwarzen Tod im 14. Jahrhundert verantwortlich war. Den endgültig sicheren Beweis lieferten allerdings erst archäogenetische Untersuchungen, die *Y. pestis*-DNA in den Überresten von Pestopfern dieser Pandemien nachweisen und ganze Pathogen Genome rekonstruieren konnten.⁶² Zahlreiche weitere Studien an archäologisch dokumentierten prähistorischen Skeletten konnten zeigen, dass *Y. pestis* bereits seit dem späten Neolithikum und vor allem während der Bronzezeit in Eurasien weitverbreitet war,⁶³ mit den frühesten Funden aus Schweden und Lettland von vor ca. 5000 Jahren.⁶⁴

Moderne *Y. pestis*-Stämme infizieren vor allem Nagetiere, in denen sie heutzutage noch in weiten Teilen der Welt endemisch sind, und werden in der Regel durch den Zwischenwirt Floh übertragen.⁶⁵ Auch für die zweite Pandemie konnte der Pesterreger in den Knochen von Ratten aus dem 15. und 16. Jahrhundert nachgewiesen werden.⁶⁶ Wird das Bakterium bei dem Biss von einem infizierten Tier vom Floh aufgenommen, vermehrt es sich dort im Inneren des Tieres, insbesondere in dessen Vormagen, wobei es einen Biofilm bildet, mit dem es den Eingang zum Magen blockiert.⁶⁷ Versucht der Floh dann später erneut Blut zur Nahrungsaufnahme aufzusaugen, kann dieses jedoch nicht in den Magen gelangen und wird stattdessen wieder durch die Bisswunde zurückgestoßen. Dabei werden die im Vormagen konzentrierten Bakterien mit in das gebissene Tier gespült und dieses so infiziert. Für das Überleben und die Formation des Biofilms im Floh hat sich *Y. pestis* im Laufe seiner Evolutionsgeschichte durch den Zugewinn des *ymt*-Gens auf dem pMT1-Plasmid und die Inaktivierung der Gene PDE-2, PDE-3, *ureD* und *rsca* angepasst.⁶⁸ Den frühen prähistorischen LNBA-Stämmen (LNBA für engl.: *Late Neolithic / Bronze Age*, spätneolithisch-bronzezeitliche Pest), zu denen auch die zwei Stämme aus Drasenhofen zählen, fehlt allerdings diese genetische Grundlage für eine effektive Übertragung durch den Floh.⁶⁹ Die ältesten bisher gefundenen Proben, bei denen diese Voraussetzung erfüllt ist, sind das ca. 3800 Jahre alte Genom von RT5 aus Mikhaylovka II in der Samara-Region in Russland⁷⁰ und das etwa 500 Jahre jüngere I2470 aus El Sotillo in Spanien.⁷¹

⁵⁸ HORVÁTH 2019.

⁵⁹ SCHEIBENREITER 1953. – BARTELHEIM 1998. – LAUERMANN 2003.

⁶⁰ Kalibrierungskurve IntCal20, OxCal v4.4.4 Bronk Ramsey 2021, <http://c14.arch.ox.ac.uk/oxcal.html> (letzter Zugriff 9.5.2023).

⁶¹ YERSIN 1894.

⁶² DRANCOURT et al. 1998. – BOS et al. 2011. – SCHUENEMANN et al. 2011. – WAGNER et al. 2014. – FELDMAN et al. 2016. – KELLER et al. 2019.

⁶³ RASMUSSEN et al. 2015. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – SPYROU et al. 2018. – YU et al. 2020. – NEUMANN et al. 2022.

⁶⁴ RASCOVAN et al. 2019. – SUSAT et al. 2021.

⁶⁵ HINNEBUSCH, JARRETT, BLAND 2021.

⁶⁶ MOROZOVA et al. 2020.

⁶⁷ HINNEBUSCH, JARRETT, BLAND 2021.

⁶⁸ ZHOU, YANG 2009. – CHOUIKHA, HINNEBUSCH 2014. – SUN et al. 2014.

⁶⁹ RASMUSSEN et al. 2015. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

⁷⁰ SPYROU et al. 2018.

⁷¹ ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

Individuum	Fundort	Land	¹⁴ C-Datierung (cal. v. Chr.)	Geschlecht	Alter	Referenz
RV2039	Riņņukalns	Lettland	3350–3100	m	20–30	SUSAT et al. 2021.
RV1852	Riņņukalns	Lettland	3350–3100	w	12–18	SUSAT et al. 2021.
Gökhem2	Gökhem, Falbygden	Schweden	3090–2917	w	adult (ca. 20)	RASCOVAN et al. 2019.
Gökhem4	Gökhem, Falbygden	Schweden	3090–2889	m	adult (ca. 20)	RASCOVAN et al. 2019.
RISE509	Bateni	Russland	2887–2677	w	20–25	RASMUSSEN et al. 2015.
RK1001	Rasshevskiy	Russland	2879–2673	m	30–39	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017.
VLI092	Vlineves	Tschechien	2882–2669	m	40–60	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – PAPAC et al. 2021.
KNK001	Krasnogvardeyskoe	Russland	2876–2630	m	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
GRS004	Großstorkwitz	Deutschland	2850–2574	m	35–45	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
GEN72	Beli Manastir- Popova zemlja	Kroatien	2883–2642	m	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – MATHIESON et al. 2018.
Gyvakarai I	Gyvakarai	Litauen	2621–2472	m	adult	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – MITTNIK et al. 2017.
VEL003	Velešovice	Tschechien	2566–2347	m	15–17	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
I5884	Dreivka I	Ukraine	2890–2696 (2629–2421)	m	45–55	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – MATHIESON et al. 2018.
GLZ001	Glazkovskoe predmestie	Russland	2838–2495	m	?	YU et al. 2020.
GLZ002	Glazkovskoe predmestie	Russland	2568–2350	m	?	YU et al. 2020.
RISE511	Afanasievo Gora	Russland	2909–2679	w	25–30	RASMUSSEN et al. 2015.
Kunila II	Kunila	Estland	2574–2340	m	adult	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – KRIISKA et al. 2007.
RISE00	Sope	Estland	2575–2349	w	25–35	RASMUSSEN et al. 2015.
1343UN- TAL85	Augsburg	Deutschland	2397–2149	m	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – STOCKHAMMER et al. 2015.
HOP001	Hostivice-Palouky	Tschechien	2455–2202	m	35–50	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – PAPAC et al. 2021.
HOP004	Hostivice-Palouky	Tschechien	2450–2150	w	40–60	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – PAPAC et al. 2021.
KLZ001	Kaluzhny 1	Russland	2334–2138	w	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
RISE386	Bulanovo	Russland	2280–2047	m	30–40	RASMUSSEN et al. 2015.
CHC004/ RISE139	Chociwel	Polen	2137–1926	m	35–45	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – RASMUSSEN et al. 2015.
DSH008	Drasenhofen	Österreich	2128–1931	m	23–30	Diese Studie, siehe Abschnitt 3.
6POST	Augsburg	Deutschland	2009–1883	m	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – STOCKHAMMER et al. 2015.
HGC009	Hagio Charalambos	Griechenland	2035–1909	m	?	NEUMANN et al. 2022. – SKOURTANIOTI et al. 2023.
KLE031	Kleinaitingen	Deutschland	2009–1770	w	3–4	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – MITTNIK et al. 2019.
DSH025	Drasenhofen	Österreich	2026–1884	m	22–27	Diese Studie, siehe Abschnitt 4.
KLE048	Kleinaitingen	Deutschland	1868–1635	m	adult (ca. 30)	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – MITTNIK et al. 2019.
MIB054	Mikulovice (big)	Tschechien	1949–1780	m	6,5–7,5	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

Tab. 2. Spätneolithische, bronzezeitliche und eisenzeitliche Pestopfer aus Eurasien, mit Angabe ihrer Fundorte, Datierung sowie ihres Alters und Geschlechts. Der in Klammern angegebene Wert der ¹⁴C-Datierung von I5448 entspricht der Korrektur anhand der phylogenetischen Position. Nur fett gedruckte Individuen wurden aufgrund ausreichender Abdeckung des *Y. pestis*-Genoms für die phylogenetische Analyse verwendet (Abb. 2). Bei den mit * markierten Individuen wurde Floh-adaptierte *Y. pestis* nachgewiesen.

Individuum	Fundort	Land	¹⁴ C-Datierung (cal. v. Chr.)	Geschlecht	Alter	Referenz
RISE505	Kytmanovo	Russland	1746–1626	w	30–35	RASMUSSEN et al. 2015.
OOH003	Oberottmarshausen	Deutschland	1636–1497	w	30–40	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – MITTNIK et al. 2019.
ARS007	Arbulag sum	Mongolei	1387–1053	m	10–15	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
GRH001	Grushevskogo	Russland	899–811	?	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
KZL002	Kyzyl	Kasachstan	786–507	?	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.
RT5*	Mikhaylovka II	Russland	1918–1755	m	30–40	SPYROU et al. 2018.
RT6*	Mikhaylovka II	Russland	1892–1746	w	35–45	SPYROU et al. 2018.
I2470*	El Sotillo	Spanien	1411–1231	m	?	ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022. – OLALDE et al. 2019.
RISE397*	Kapan	Armenien	1048–885	m	15–18	RASMUSSEN et al. 2015.

Tab. 2. Fortsetzung.

Vergleicht man die beiden *Y. pestis*-Genome aus Drasenhofen phylogenetisch mit anderen alten und modernen Pestgenomen, so fallen sie zusammen mit anderen Stämmen Eurasiens aus dem Spätneolithikum und der Bronze- und Eisenzeit (Abb. 2, Tab. 2 mit Literaturangaben). Sie bilden eine monophyletische Gruppe, die basal zu allen Ästen moderner Genome und deren historisch dokumentierter Pandemien (Justinianische Pest, Schwarzer Tod und 3. Pandemie) abzweigt und die selbst keine modernen Nachkommen aufweist, sondern ausgestorben zu sein scheint. Interessanterweise fallen beide Genome aus Drasenhofen an zwei unterschiedliche Positionen auf dem LNBA-Ast in der Phylogenie, im Gegensatz etwa zu den zwei Genomen aus dem tschechischen Hostivice-Palouky (HOP001 und HOP004) oder denen aus dem sibirischen Glazkovskoe predmestie (GLZ001 und GLZ002), die jeweils nahezu identisch sind. Stattdessen bildet DSH008 zusammen mit CHC004 aus Chociwel in Polen eine Untergruppe, während DSH025 zwischen die zwei Genome KLE031 und KLE048 aus dem süddeutschen Kleinaitingen fällt. Dabei unterscheiden sich DSH008 und DSH025 in mindestens 51 SNPs und repräsentieren somit zwei unterschiedliche *Y. pestis*-Stämme.

Aufgrund der fehlenden Anpassung an eine effektive Übertragung durch den Floh der LNBA-Stämme wurde vermutet, dass es sich bei der frühen Form der Pest um die pneumonische Form via Tröpfcheninfektion handelt.⁷² Neue Studien haben jedoch gezeigt, dass abhängig vom Blut des Wirts das Bakterium auch ohne das *ymt*-Gen im Floh überleben kann.⁷³ Auch ist eine Übertragung durch den

Floh ohne Biofilmformation, die sogenannte *Early-phase*-Transmission möglich.⁷⁴ Gerade die Jagd auf Nagetiere, zum Beispiel wegen ihres Pelzes, dürfte Menschen immer wieder in engen Kontakt mit Nagetierflöhen gebracht haben. Des Weiteren wäre eine Infektion über die oral-fäkale Route wie beim nächsten Verwandten *Y. pseudotuberculosis* denkbar, vor allem da moderne *Y. pestis*-Stämme gelegentlich auch domestizierte Tiere wie Schafe, Ziegen und Kamele infizieren können⁷⁵ und zudem der Konsum von Nagetieren durch Menschen in Betracht kommt.⁷⁶ Da die LNBA-Stämme phylogenetisch zusammen eine Klade bilden, die keine bisher isolierten modernen Nachkommen hat, mit denen man mögliche Übertragungswege vergleichen kann, und stattdessen ausgestorben zu sein scheint, kann die Frage nach der Übertragung und der Wirtstiere nicht eindeutig beantwortet werden.

Interessant ist ebenfalls die Beobachtung, wie sich die LNBA-Linie von anderen *Y. pestis*-Linien unterscheidet. Bei Letzteren findet eine Diversifizierung in verschiedene Unterlinien statt, die auf mehrere Wirtsreservoir zurückzuführen sind, die sich unabhängig voneinander entwickeln. Die annähernde Linearität des LNBA-Astes hingegen legt nahe, dass es sich hier um ein Wirtsreservoir (oder wenige, gut vernetzte Reservoirs) handelt, das sich über fast 2000 Jahre hin weiterentwickelt hat und immer wieder über weite Distanzen verbreiten konnte.⁷⁷ Wie genau diese Ausbreitung verlief und wie *Y. pestis* nach Drasenhofen gelangte,

72 ZIMBLER et al. 2015.

73 BLAND et al. 2021.

74 EISEN et al. 2006. – VETTER et al. 2010. – JOHNSON et al. 2014. – EISEN, DENNIS, GAGE 2015.

75 CHRISTIE, CHEN, ELBERG 1980. – DAI et al. 2018.

76 KEHRMANN et al. 2020.

77 ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

bleibt allerdings ebenfalls weiterhin im Dunkeln. Bei zahlreichen Krankheiten spielen Mobilität und Migration eine Rolle in der Ausbreitung und zwar sowohl die der bakteriellen und viralen Verursacher als auch die der Zwischenwirte und betroffenen Menschen selbst.⁷⁸ Die Bronzezeit ist besonders geprägt von menschlicher Mobilität, deutlich erkennbar an der Expansion von Pastoralistengruppen aus der eurasischen Steppe.⁷⁹ Es ist sehr wahrscheinlich, dass ein Überschneiden verschiedener Ökozonen von Menschen, ihrer domestizierten Tiere und von wilden, ortsfesten oder wandernden Tieren in Kombination mit der erhöhten Mobilität zu der weiten Verbreitung der Pest geführt hat.⁸⁰

7. Kulturhistorische Deutungsansätze

Wie lassen sich die Befunde zweier unterschiedlicher Stämme der spätneolithischen/frühbronzezeitlichen Pest (*Y. pestis*) im frühbronzezeitlichen Gräberfeld von Drasenhofen deuten? Fassen wir zunächst die Gemeinsamkeiten der beiden Gräber zusammen:

In beiden Fällen handelt es sich um junge Männer, die in ihren Zwanzigern verstarben. Bezüglich ihres physischen Erscheinungsbildes unterschieden sich die beiden wohl sehr deutlich. Individuum DSH008 war groß und aufgrund seiner Wirbelsäulenverletzungen in seinen Bewegungen bereits seit einigen Jahren vor seinem Tod beeinträchtigt. Individuum DSH025 hingegen war von eher gedrungener, kräftiger Gestalt und körperlich wohl sehr leistungsfähig.

Mit hoher Wahrscheinlichkeit ist die Pesterkrankung die Ursache ihres Todes. Der Tod kam schnell, daher sind keine pathologischen Veränderungen an Rippen oder anderen Knochen der an Pest Erkrankten zu erwarten. Für ihre Bestattung wurde wenig Aufwand betrieben und sie sind innerhalb des Gräberfeldes in Randpositionen niedergelegt worden. Während für DSH008 eine Grabgrube wiederbenutzt wurde, wurde für DSH025 eine sehr kleine Grabgrube angelegt. Beide Bestattungen sind weitgehend beigabenlos und es gibt keine Anzeichen einer späteren Beraubung des Grabes.

Die unterschiedlichen Peststämme sowie der große räumliche Abstand zwischen den Individuen legen nahe, dass sich die beiden Individuen nicht voneinander angesteckt haben können – vielmehr handelt es sich um zwei unabhängige Ereignisse.

Ein analoger Befund ist aus dem süddeutschen Lechtal bekannt, wo vom Endneolithikum bis in die Mittelbronzezeit zwischen 2500 und 1500 v. Chr. immer wieder einzelne

Individuen an *Y. pestis* verstarben.⁸¹ Das Lechtal südlich der modernen Stadt Augsburg war anders als etwa die Siedlungsweise in Drasenhofen in dieser Zeit durch eine Abfolge von Einzelgehöften gekennzeichnet und jedes dieser Einzelgehöfte besaß in unmittelbarer Nachbarschaft ein kleines bis mittelgroßes Gräberfeld, auf dem die Mitglieder der Gehöftgemeinschaft bestattet wurden.⁸² Auch wenn die Bewohner mehrerer Gehöfte an *Y. pestis* starben, zeigen dennoch sowohl die entsprechenden Gehöfte als auch die gesamte Sozialordnung des Lechtals eine außergewöhnliche Kontinuität vom Endneolithikum bis an das Ende der Frühbronzezeit⁸³ – unabhängig von immer wieder auftretenden Pestinfektionen.

Dies deutet an, dass die LNBA-Pest nicht wie etwa die Pestepidemien des Mittelalters und der Frühen Neuzeit ganze Hausgemeinschaften dahinraffte, sondern die Infektionswahrscheinlichkeit und/oder die Letalität sich von den späteren *Y. pestis*-Linien unterschieden. Sicher ist, dass Individuen, bei denen *Y. pestis* in den Blutgefäßen des Dentins identifiziert werden konnte, an einer entsprechenden Infektion verstarben. Ähnlich wie in Drasenhofen unterscheiden sich die *Y. pestis*-Stämme, die im Lechtal identifiziert wurden, voneinander, was darauf hinweist, dass die Infektionskrankheit immer wieder von außen durch bislang ungeklärte Vektoren in das Tal gebracht wurde, dort einige Individuen infizierte – die an der Infektion starben –, und dann wieder verschwand. Für Drasenhofen dürfte ein ganz ähnliches Bild anzunehmen sein.

In der Zusammenstellung aller bisher publizierten Pestopfer der späteren Urgeschichte in Eurasien (Tab. 2) fällt ein asymmetrisches Geschlechterverhältnis auf. Mit 27 Männern und 11 Frauen sind wesentlich mehr männliche Individuen mit dem Erreger in Kontakt gekommen und verstorben als weibliche.⁸⁴ Es dominieren erwachsene Individuen: neben den acht weiblichen Individuen finden sich auch jeweils ein Kind und eine Jugendliche sowie eine Frau der matura Altersklasse, bei den Männern sind neben

⁷⁸ GREGORICKA 2021.

⁷⁹ ALLENTOFI et al. 2015. – HAAK et al. 2015.

⁸⁰ ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

⁸¹ ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017. – ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022.

⁸² MASSY 2018.

⁸³ KNIPPER et al. 2017. – MASSY et al. 2017. – MITTNIK et al. 2019. – STOCKHAMMER, MASSY 2023.

⁸⁴ Hier handelt es sich keineswegs um eine Verzerrung der Stichprobe durch bevorzugtes Beprobieren männlicher Individuen; beispielsweise publizierten MATHIESON et al. 2018 Daten von 285 männlichen und 213 weiblichen Individuen, MITTNIK et al. 2019 Daten von 62 weiblichen, 61 männlichen und 19 unbestimmten Individuen und PAPAC et al. 2021 Daten von 114 weiblichen und 80 männlichen Individuen. Nur bei YU et al. 2020 sind es mit vier weiblichen und 17 männlichen Individuen bei geringer Stichprobengröße deutlich mehr Männer.

den 13 adulten Individuen auch zwei Kinder im Alter von 6,5–7,5 und 10–15 Jahren, zwei Jugendliche und zwei mature Individuen zu finden.

Über die Tätigkeiten, die typischerweise Männer ausgeführt haben und bei denen sie sich mit den Pesterregern angesteckt haben könnten, kann derzeit nur spekuliert werden. Ein häufigerer Kontakt mit Wildtieren, z. B. in Zusammenhang mit Jagd, etwa auf Pelztiere, scheint möglich. Auch Transhumanz, die den Jahreszeiten folgende Begleitung von Herden auf Almen, sowie andere Formen von Herdenmanagement⁸⁵ innerhalb und abseits der Siedlungen scheint möglich. Ebenso könnte die Teilnahme an Kriegszügen⁸⁶ die Ausbreitung der Pest beschleunigt haben. Die Übertragung der Pest im Haushalt bleibt möglich, ist bislang aber nicht archäologisch nachgewiesen.

Bislang wurde der Alters- und Geschlechterverteilung sowie dem sozialen Kontext von Menschen, die an Pest verstarben, noch wenig Beachtung geschenkt. Das Beispiel Drasenhofen zeigt, dass das Versterben an dieser Krankheit kein Hindernis für eine Bestattung im üblichen Rahmen der frühbronzezeitlichen Gemeinschaft war und nicht etwa zu einer Deponierung in einer Grube führte. Die gemeinsame Betrachtung archäogenetischer, anthropologischer und archäologischer Daten wird auch in Zukunft neue Einsichten in das Sozialgefüge der Bronzezeit bringen.

Datenverfügbarkeit

Die Rohsequenzierdaten wurden im fastq-Format beim European Nucleotide Archive (ENA) unter der Projektnummer PRJEB61070 hinterlegt.

Danksagung

Wir danken dem Landesarchäologen Franz Pieler und der Grabungsfirma ArchaeoProtect, insbesondere Attila Szilasi, für die Überlassung der Grabungsdokumentation und die Erlaubnis, das Gräberfeld zu bearbeiten. Marjolein D. Bosch identifizierte die Tierknochen. Christopher Gerner und Patricia Bortel vom Institut für Analytische Chemie der Universität Wien boten die Möglichkeit, Peptidanalysen am Zahnschmelz für die Geschlechtsbestimmung durchzuführen. Weiters sind wir Johannes Krause, Wolfgang Haak und dem Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie zum Dank verpflichtet. Das Projekt „The value of mothers to society: responses to motherhood and child rearing practices in prehistoric Europe“ wurde vom European Research Council (ERC) unter dem Horizon 2020 Forschungs- und Innovationsprogramm der Europäischen Union von 2016 bis 2021 gefördert (grant agreement No 676828).

⁸⁵ PUTZER, FESTI, OEGGL 2016. – REITMAIER et al. 2018.

⁸⁶ WAHL, PRICE 2013. – SARRY, COURTAUD, CABEZUELO 2016. – PRICE et al. 2019.

Beitrag der Autorinnen und Autoren

Gunnar U. Neumann: Pathogenanalyse, Manuskript

Fabian Kanz: Anthropologie, Manuskript

Anja Furtwängler: Humangenetische Analyse, Manuskript

Kurt Fiebig: Ausgrabung

Domnika Verdianu: Grafik, GIS

Philipp W. Stockhammer: Konzept, Archäologie, Interpretation

Katharina Rebay-Salisbury: Konzept, Archäologie, Projektmanagement, Finanzierung, Interpretation, Manuskript

Literatur

ALFONSO, THOMPSON, STANDEN 2005

M. P. ALFONSO, J. L. THOMPSON, V. G. STANDEN, Reevaluating Harris lines: a comparison between Harris lines and enamel hypoplasia, *Collegium antropologicum* 29/2, 2005, 393–408.

ALLENTOFT et al. 2015

M. ALLENTOFT, M. SIKORA, K.-G. SJÖGREN, S. RASMUSSEN, M. RASMUSSEN, J. STENDERUP, P. B. DAMGAARD, H. SCHROEDER, T. AHLSTRÖM, L. VINNER, A.-S. MALASPINAS, A. MARGARYAN, T. HIGHAM, D. CHIVALL, N. LYNNERUP, L. HARVIG, J. BARON, P. DELLA CASA, P. DABROWSKI, P. R. DUFFY, A. EBEL, A. EPIMAKHOV, K. FREI, M. FURMANEK, T. GRALAK, A. GROMOV, S. GRONKIEWICZ, G. GRUPE, T. HAJDU, R. JARYSZ, V. KHARTANOVICH, A. KHOKHLOV, V. KISS, J. KOLAÄR, A. KRIISKA, I. LASAK, C. LONGHI, G. MCGLYNN, A. MERKEVICIUS, I. MERKYTE, M. METSPALU, R. MKRTCHYAN, V. MOISEYEV, L. PAJA, G. PÁLFI, D. POKUTTA, Ł. POSPIESZNY, T. D. PRICE, L. SAAG, M. SABLIN, N. SHISHLINA, V. SMRCKA, V. I. SOENOV, V. SZEVEŘÉNYI, G. TÓTH, S. V. TRIFANOVA, L. VARUL, M. VICZE, L. YEPISKOPOSYAN, V. ZHITENEV, L. ORLANDO, T. SICHERITZ-PONTÉN, S. BRUNAK, R. NIELSEN, K. KRISTIANSEN, E. WILLERSLEV, Population genomics of Bronze Age Eurasia, *Nature* 522, 2015, 167–172.

ANDRADES VALTUEÑA et al. 2017

A. ANDRADES VALTUEÑA, A. MITTNIK, F. M. KEY, W. HAAK, R. ALLMÄE, A. BELINSKIY, M. DAUBARAS, M. FELDMAN, R. JANKAUSKAS, I. JANKOVIĆ, K. MASSY, M. NOVAK, S. PFRENGLE, S. REINHOLD, M. ŠLAUS, M. A. SPYROU, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, M. TÖRV, S. HANSEN, K. I. BOS, P. W. STOCKHAMMER, A. HERBIG, J. KRAUSE, The Stone Age plague and its persistence in Eurasia, *Current Biology* 27/23, 2017, 3683–3691.e8.

ANDRADES VALTUEÑA et al. 2022

A. ANDRADES VALTUEÑA, G. U. NEUMANN, M. A. SPYROU, L. MUSRALINA, F. ARON, A. BEISENOV, A. B. BELINSKIY, K. I. BOS, A. BUZHILOVA, M. CONRAD, L. B. DJANSUGUROVA, M. DOBEŠ, M. ERNÉE, J. FERNÁNDEZ-ERASO, B. FROHLICH, M. FURMANEK, A. HALUSZKO, S. HANSEN, É. HARNEY, A. N. HISS, A. HÜBNER, F. M. KEY, E. KHUSSAINOVA, E. KITOV, A. O. KITOVA, C. KNIPPER, D. KÜHNERT, C. LALUEZA-FOX, J. LITTLETON, K. MASSY, A. MITTNIK, J. A. MUJICA-ALUSTIZA, I. OLALDE, L. PAPAC, S. PENSKE, J. PEŠKA, R. PINHASI, D. REICH, S. REINHOLD, R. STAHL, H. STÄUBLE, R. I. TUKHBATOVA, S. VASILYEV, E. VESELOVSKAYA, C. WARINNER, P. W. STOCKHAMMER, W. HAAK, J. KRAUSE, A. HERBIG, Stone Age *Yersinia pestis* genomes shed light on the early evolution, diversity, and ecology of plague, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 119/17, 2022, e2116722119.

AUFDERHEIDE, RODRIGUEZ-MARTIN 1998

A. C. AUFDERHEIDE, C. RODRIGUEZ-MARTIN, *The Cambridge Encyclopedia of Human Paleopathology*. Cambridge 1998.

- BARTELHEIM 1998
- M. BARTELHEIM, Studien zur böhmischen Aunjetitzer Kultur – Chronologische und chorologische Untersuchungen, Teil I, II. Universitätsforschungen zur prähistorischen Archäologie 46, Bonn 1998.
- BLAND et al. 2021
- D. M. BLAND, A. MIARINJARA, C. F. BOSIO, J. CALARCO, B. J. HINNEBUSCH, Acquisition of yersinia murine toxin enabled *Yersinia pestis* to expand the range of mammalian hosts that sustain flea-borne plague, PLOS Pathogens 17/10, 2021, e1009995.
- Bos 2014
- K. I. BOS, Pre-Columbian mycobacterial genomes reveal seals as a source of new world human tuberculosis, Nature 514, 2014, 494–497.
- Bos et al. 2011
- K. I. BOS, V. J. SCHUENEMANN, G. B. GOLDING, H. A. BURBANO, N. WAGLECHNER, B. K. COOMBES, J. B. MCPHEE, S. N. DEWITTE, M. MEYER, S. SCHMEDES, J. WOOD, D. J. D. EARN, D. A. HERRING, P. BAUER, H. N. POINAR, J. KRAUSE, A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death, Nature 478/7370, 2011, 506–510.
- CHOUIKHA, HINNEBUSCH 2014
- I. CHOUIKHA, B. J. HINNEBUSCH, Silencing urease: a key evolutionary step that facilitated the adaptation of *Yersinia pestis* to the flea-borne transmission route, Proceedings of the National Academy of Sciences 111/52, 2014, 18709–18714.
- CHRISTIE, CHEN, ELBERG 1980
- A. B. CHRISTIE, T. H. CHEN, S. S. ELBERG, Plague in camels and goats: their role in human epidemics, The Journal of Infectious Diseases 141/6, 1980, 724–726.
- DAI et al. 2018
- R. DAI, B. WEI, H. XIONG, X. YANG, Y. PENG, J. HE, J. JIN, Y. WANG, X. ZHA, Z. ZHANG, Y. LIANG, Q. ZHANG, J. XU, Z. WANG, W. LI, Human plague associated with Tibetan sheep originates in marmots, PLOS Neglected Tropical Diseases 12/8, 2018, e0006635.
- DEPRISTO et al. 2011
- M. A. DEPRISTO, E. BANKS, R. POPLIN, K. V. GARIMELLA, J. R. MAGUIRE, C. HARTL, A. A. PHILIPPAKIS, G. DEL ANGEL, M. A. RIVAS, M. HANNA, A. MCKENNA, T. J. FENNEL, A. M. KERNYTSKY, A. Y. SIVACHENKO, K. CIBULSKIS, S. B. GABRIEL, D. ALTSHULER, M. J. DALY, A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data, Nature Genetics 43/5, 2011, 491–498.
- DRANCOURT et al. 1998
- M. DRANCOURT, G. ABOUDHARAM, M. SIGNOLI, O. DUTOUR, D. RAOULT, Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: an approach to the diagnosis of ancient septicemia, Proceedings of the National Academy of Sciences 95/21, 1998, 12637–12640.
- DUDAY 2009
- H. DUDAY, The Archaeology of the Dead: Lectures in Archaeoethnology. Oxford 2009.
- EISEN, DENNIS, GAGE 2015
- R. J. EISEN, D. T. DENNIS, K. L. GAGE, The role of early-phase transmission in the spread of *Yersinia pestis*, Journal of Medical Entomology 52/6, 2015, 1183–1192.
- EISEN et al. 2006
- R. J. EISEN, S. W. BEARDEN, A. P. WILDER, J. A. MONTENIERI, M. F. ANTOLIN, K. L. GAGE, Early-phase transmission of *Yersinia pestis* by unblocked fleas as a mechanism explaining rapidly spreading plague epizootics, Proceedings of the National Academy of Sciences 103/42, 2006, 15380–15385.
- FELDMAN et al. 2016
- M. FELDMAN, M. HARBECK, M. KELLER, M. A. SPYROU, A. ROTT, B. TRAUTMANN, H. C. SCHOLZ, B. PÄFFGEN, J. PETERS, M. MCCORMICK, K. BOS, A. HERBIG, J. KRAUSE, A high-coverage *Yersinia pestis* genome from a sixth-century Justinianic plague victim, Molecular Biology and Evolution 33/11, 2016, 2911–2923.
- FELLOWS YATES et al. 2021
- J. A. FELLOWS YATES, T. C. LAMNIDIS, M. BORRY, A. ANDRADES VALTUEÑA, Z. FAGERNÄS, S. CLAYTON, M. U. GARCIA, J. NEUKAMM, A. PELTZER, Reproducible, portable, and efficient ancient genome reconstruction with nf-core/eager, PeerJ 9, 2021, e10947.
- FOSTER, BUCKLEY, TAYLES 2014
- A. FOSTER, H. BUCKLEY, N. TAYLES, Using entheses robusticity to infer activity in the past: a review, Journal of Archaeological Method and Theory 21/3, 2014, 511–533.
- GALIK, EMRA, PACHER 2019
- A. GALIK, S. EMRA, M. PACHER, Die tierischen Überreste aus der frühbronzezeitlichen Siedlung bei Drasenhofen. In: K. FIEBIG, A. CSAPLÁROS (Hrsg.), Trassenarchäologie 3. Archpro Sonderheft 1, Pöttelsdorf 2019, 58–69.
- GANSAUGE et al. 2020
- M.-T. GANSAUGE, A. AXIMU-PETRI, S. NAGEL, M. MEYER, Manual and automated preparation of single-stranded DNA libraries for the sequencing of DNA from ancient biological remains and other sources of highly degraded DNA, Nature Protocols 15/8, 2020, 2279–2300.
- GREGORICKA 2021
- L. A. GREGORICKA, Moving forward: a bioarchaeology of mobility and migration, Journal of Archaeological Research 29/4, 2021, 581–635.
- GYULAI 2019
- F. GYULAI, Bericht über die archäobotanischen Untersuchungen von Drasenhofen. In: K. FIEBIG, A. CSAPLÁROS (Hrsg.), Trassenarchäologie 3. Archpro Sonderheft 1, Pöttelsdorf 2019, 51–57.
- HAAK et al. 2015
- W. HAAK, I. LAZARIDIS, N. PATTERSON, N. ROHLAND, S. MALLICK, B. LLAMAS, G. BRANDT, S. NORDENFELT, E. HARNEY, K. STEWARDSON, Q. FU, A. MITTNIK, E. BÁNFFY, C. ECONOMOU, M. FRANCKEN, S. FRIEDERICH, R. GARRIDO PENA, F. HALLGREN, V. KHARTANOVICH, A. KHOKHLOV, M. KUNST, P. KUZNETSOV, H. MELLER, O. MOCHALOV, V. MOISEYEV, N. NICKLISCH, S. L. PICHLER, R. RISCH, M. A. ROJO GUERRA, C. ROTH, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, J. WAHL, M. MEYER, J. KRAUSE, D. BROWN, D. ANTHONY, A. COOPER, K. W. ALT, D. REICH, Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe, Nature 522, 2015, 207–211.
- HINNEBUSCH, JARRETT, BLAND 2021
- B. J. HINNEBUSCH, C. O. JARRETT, D. M. BLAND, Molecular and genetic mechanisms that mediate transmission of *Yersinia pestis* by fleas, Biomolecules 11/2, 2021, 210.
- HORVÁTH 2019
- T. HORVÁTH, Das Gräberfeld in Drasenhofen. In: K. FIEBIG, A. CSAPLÁROS (Hrsg.), Trassenarchäologie 3. Archpro Sonderheft 1, Pöttelsdorf 2019, 70–81.
- HÜBLER et al. 2019
- R. HÜBLER, F. M. KEY, C. WARINNER, K. I. BOS, J. KRAUSE, A. HERBIG, HOPS: automated detection and authentication of pathogen DNA in archaeological remains, Genome Biology 20/1, 2019, 280.

- JOHNSON et al. 2014
 T. L. JOHNSON, B. J. HINNEBUSCH, K. A. BOEGLER, C. B. GRAHAM, K. MACMILLAN, J. A. MONTENIERI, S. W. BEARDEN, K. L. GAGE, R. J. EISEN, *Yersinia murine* toxin is not required for early-phase transmission of *Yersinia pestis* by *Oropsylla montana* (Siphonaptera: Ceratophyllidae) or *Xenopsylla cheopis* (Siphonaptera: Pulicidae), *Microbiology* 160/11, 2014, 2517–2525.
- KANZ 2019
 F. KANZ, Die frühbronzezeitlichen Menschen in Drasenhofen. In: K. FIEBIG, A. CSAPLÁROS (Hrsg.), *Trassenarchäologie* 3. Archpro Sonderheft 1, Pöttlendorf 2019, 82–89.
- KEHRMANN et al. 2020
 J. KEHRMANN, W. POPP, B. DELGERMAA, D. OTGONBAYAR, T. GANTUMUR, J. BUER, N. TSOGBADRAKH, Two fatal cases of plague after consumption of raw marmot organs, *Emerging Microbes & Infections* 9/1, 2020, 1878–1880.
- KELLER et al. 2019
 M. KELLER, M. A. SPYROU, C. L. SCHEIB, G. U. NEUMANN, A. KRÖPELIN, B. HAAS-GEHARD, B. PÄFFGEN, J. HABERSTROH, A. RIBERA I LACOMBA, C. RAYNAUD, C. CESSFORD, R. DURAND, P. STADLER, K. NÄGELE, J. S. BATES, B. TRAUTMANN, S. A. INSKIP, J. PETERS, J. E. ROBB, T. KIVISILD, D. CASTEX, M. McCORMICK, K. I. BOS, M. HARBECK, A. HERBIG, J. KRAUSE, Ancient *Yersinia pestis* genomes from across western Europe reveal early diversification during the First Pandemic (541–750), *Proceedings of the National Academy of Sciences* 116/25, 2019, 12363–12372.
- KEY et al. 2020
 F. M. KEY, C. POSTH, L. R. ESQUIVEL-GOMEZ, R. HÜBLER, M. A. SPYROU, G. U. NEUMANN, A. FURTWÄNGLER, S. SABIN, M. BURRI, A. WISSGOTT, A. K. LANKAPALLI, Å. J. VÅGENE, M. MEYER, S. NAGEL, R. TUKHBA TOVA, A. KHOKHLOV, A. CHIZHEVSKY, S. HANSEN, A. B. BELINSKY, A. KALMYKOV, A. R. KANTOROVICH, V. E. MASLOV, P. W. STOCKHAMMER, S. VAI, M. ZAVATTARO, A. RIGA, D. CARAMELLI, R. SKEATES, J. BECKETT, M. G. GRADOLI, N. STEURI, A. HAFNER, M. RAMSTEIN, I. SIEBKE, S. LÖSCH, Y. S. ERDAL, N.-F. ALIKHAN, Z. ZHOU, M. ACHTMAN, K. BOS, S. REINHOLD, W. HAAK, D. KÜHNERT, A. HERBIG, J. KRAUSE, Emergence of human-adapted *Salmonella enterica* is linked to the Neolithization process, *Nature Ecology & Evolution* 4/3, 2020, 324–333.
- KNIPPER et al. 2017
 C. KNIPPER, A. MITTNIK, K. MASSY, C. KOCIUMAKA, I. KUCUKKALIPCI, M. MAUS, F. WITTENBORN, S. E. METZ, A. STASKIEWICZ, J. KRAUSE, P. W. STOCKHAMMER, Female exogamy and gene pool diversification at the transition from the Final Neolithic to the Early Bronze Age in central Europe, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114/38, 2017, 201706355.
- KOCHER et al. 2021
 A. KOCHER, L. PAPAC, R. BARQUERA, F. M. KEY, M. A. SPYROU, R. HÜBLER, A. B. ROHRLACH, F. ARON, R. STAHL, A. WISSGOTT, F. VAN BÖMMEL, M. PFEFFERKORN, A. MITTNIK, V. VILLALBA-MOUCO, G. U. NEUMANN, M. RIVOLLAT, M. S. VAN DE LOOSDRECHT, K. MAJANDER, R. I. TUKHBA TOVA, L. MUSRALINA, A. GHALICHI, S. PENSKE, S. SABIN, M. MICHEL, J. GRETZINGER, E. A. NELSON, T. FERRAZ, K. NÄGELE, C. PARKER, M. KELLER, E. K. GUEVARA, M. FELDMAN, S. EISENMANN, E. SKOURTANIOTI, K. GIFFIN, G. A. GNECCHI-RUSCONE, S. FRIEDERICH, V. SCHIMMENTI, V. KHARTANOVICH, M. K. KARAPETIAN, M. S. CHAPLYGIN, V. V. KUFTERIN, A. A. KHOKHLOV, A. A. CHIZHEVSKY, D. A. STASHENKOV, A. F. KOCHKINA, C. TEJEDOR-RODRÍGUEZ, Í. G.-M. DE LAGRÁN, H. ARCUSA-MAGALLÓN, R. GARRIDO-PENA, J. I. ROYO-GUILLÉN, J. NOVÁČEK, S. ROTTIER, S. KACKI, S. SAINTOT, E. KAVERZNEVA, A. B. BELINSKIY, P. VELEMÍNSKÝ, P. LIMBURSKÝ, M. KOSTKA, L. LOE, E. POPESCU, R. CLARKE, A. LYONS, R. MORTIMER, A. SAJANTILA, Y. C. DE ARMAS, S. T. HERNANDEZ GODOY, D. I. HERNÁNDEZ-ZARAGOZA, J. PEARSON, D. BINDER, P. LEFRANC, A. R. KANTOROVICH, V. E. MASLOV, L. LAI, M. ZOLEDZIEWSKA, J. F. BECKETT, M. LANGOVÁ, A. DANIELISOVÁ, T. INGMAN, G. G. ATIÉNZA, M. P. DE MIGUEL IBÁÑEZ, A. ROMERO, A. SPERDUTI, S. BECKETT, S. J. SALTER, E. D. ZILIVINSKAYA, D. V. VASIL'EV, K. VON HEYKING, R. L. BURGER, L. C. SALAZAR, L. AMKREUTZ, M. NAVRUZBEKOV, E. ROSENSTOCK, C. ALONSO-FERNÁNDEZ, V. SLAVCHEV, A. A. KALMYKOV, B. C. ATABIEV, E. BATIEVA, M. A. CALMET, B. LLAMAS, M. SCHULTZ, R. KRAUSS, J. JIMÉNEZ-ECHEVARRÍA, M. FRANCKEN, S. SHNAIDER, P. DE KNIJFF, E. ALTEA, K. VAN DE VIJVER, L. FEHREN-SCHMITZ, T. A. TUNG, S. LÖSCH, M. DOBROVOLSKAYA, N. MAKAROV, C. READ, M. VAN TWEST, C. SAGONA, P. C. RAMSL, M. AKAR, K. A. YENER, E. C. BALLESTERO, F. CUCCA, V. MAZZARELLO, P. UTRILLA, K. RADEMAKER, E. FERNÁNDEZ-DOMÍNGUEZ, D. BAIRD, P. SEMAL, L. MÁRQUEZ-MORFÍN, M. ROKSANDIC, H. STEINER, D. C. SALAZAR-GARCÍA, N. SHISHLINA, Y. S. ERDAL, F. HALLGREN, Y. BOYADZHIEV, K. BOYADZHIEV, M. KÜSSNER, D. SAYER, P. ONKAMO, R. SKEATES, M. ROJO-GUERRA, A. BUZHILOVA, E. KHUSAINOVA, L. B. DJANSUGUROVA, A. Z. BEISENOV, Z. SAMASHEV, K. MASSY, M. MANNINO, V. MOISEYEV, K. MANNERMAA, O. BALANOVSKY, M.-F. DEGUILLLOUX, S. REINHOLD, S. HANSEN, E. P. KITOV, M. DOBEŠ, M. ERNÉE, H. MELLER, K. W. ALT, K. PRÜFER, C. WARINNER, S. SCHIFFELS, P. W. STOCKHAMMER, K. BOS, C. POSTH, A. HERBIG, W. HAAK, J. KRAUSE, D. KÜHNERT, Ten millennia of hepatitis B virus evolution, *Science* 374/6564, 2021, 182–188.
- KOZLOV et al. 2019
 A. M. KOZLOV, D. DARRIBA, T. FLOURI, B. MOREL, A. STAMATAKIS, RAxML-NG: a fast, scalable and user-friendly tool for maximum likelihood phylogenetic inference, *Bioinformatics* 35/21, 2019, 4453–4455.
- KRAUSE-KYORA et al. 2018
 B. KRAUSE-KYORA, J. SUSAT, F. M. KEY, D. KÜHNERT, E. BOSSE, A. IMMEL, C. RINNE, S.-C. KORNEILL, D. YEPES, S. FRANZENBURG, H. O. HEYNE, T. MEIER, S. LÖSCH, H. MELLER, S. FRIEDERICH, N. NICKLISCH, K. W. ALT, S. SCHREIBER, A. THOLEY, A. HERBIG, A. NEBEL, J. KRAUSE, Neolithic and medieval virus genomes reveal complex evolution of hepatitis B, *eLife* 7, 2018, e36666.
- KRIISKA et al. 2007
 A. KRIISKA, L. LÖUGAS, M. LÖHMUS, K. JOHANSON, New AMS dates from Estonian Stone Age burials sites, *Estonian Journal of Archaeology* 11, 2007, 83–121.
- KUMAR et al. 2018
 S. KUMAR, G. STECHER, M. LI, C. KNYAZ, K. TAMURA, MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms, *Molecular Biology and Evolution* 35/6, 2018, 1547–1549.
- LAUERMANN 1992
 E. LAUERMANN, Sonderbestattungen der frühen Bronzezeit, *Praehistorische Zeitschrift* 67/2, 1992, 183–200.
- LAUERMANN 1995
 E. LAUERMANN, Ein frühbronzezeitliches Gräberfeld aus Unterhautenthal, NÖ. Stockerau 1995.

- LAUERMANN 1997
 E. LAUERMANN, Sonderbestattungen im Bereich einer frühbronzezeitlichen Siedlung in Unterhautzentel, Niederösterreich. In: K.-F. RITTERSHOFER (Hrsg.), Sonderbestattungen in der Bronzezeit im östlichen Mitteleuropa. Internationale Archäologie 37, Espelkamp 1997, 42–46.
- LAUERMANN 2003
 E. LAUERMANN, Studien zur Aunjetitz-Kultur im nördlichen Niederösterreich. Universitätsforschungen zur prähistorischen Archäologie 99, Bonn 2003.
- LI, DURBIN 2010
 H. LI, R. DURBIN, Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform, *Bioinformatics* 26/5, 2010, 589–595.
- MASSY 2018
 K. MASSY, Die Gräber der Frühbronzezeit im südlichen Bayern. Materialhefte zur bayerischen Archäologie 1057, Kallmünz 2018.
- MASSY et al. 2017
 K. MASSY, C. KNIPPER, A. MITTNIK, S. KRAUS, E. PERNICKA, F. WITTENBORN, J. KRAUSE, P. W. STOCKHAMMER, Patterns of transformation from the Final Neolithic to the Early Bronze Age: a case study from the Lech Valley south of Augsburg. In: P. W. STOCKHAMMER, J. MARAN (Hrsg.), *Appropriating Innovations: Entangled Knowledge in Eurasia 5000–1500 BCE*. Oxford 2017, 241–261.
- MATHIESON et al. 2018
 I. MATHIESON, S. ALPASLAN-ROODENBERG, C. POSTH, A. SZÉCSÉNYI-NAGY, N. ROHLAND, S. MALLICK, I. OLALDE, N. BROOMANDKHOSHBACHT, F. CANDILIO, O. CHERONET, D. FERNANDES, M. FERRY, B. GAMARRA, G. G. FORTES, W. HAAK, E. HARNEY, E. JONES, D. KEATING, B. KRAUSE-KYORA, I. KUCUKKALIPCI, M. MICHEL, A. MITTNIK, K. NÄGELE, M. NOVAK, J. OPPENHEIMER, N. PATTERSON, S. PFRENGLE, K. SIRAK, K. STEWARDSON, S. VAI, S. ALEXANDROV, K. W. ALT, R. ANDREESCU, D. ANTONOVIĆ, A. ASH, N. ATANASSOVA, K. BACVAROV, M. B. GUSZTÁV, H. BOCHERENS, M. BOLUS, A. BORONEANȚ, Y. BOYADZHIEV, A. BUDNIK, J. BURMAZ, S. CHOHAZHIEV, N. J. CONARD, R. COTTIAUX, M. ČUKA, C. CUPILLARD, D. G. DRUCKER, N. ELENSKI, M. FRANCKEN, B. GALABOVA, G. GANETSOVSKI, B. GÉLY, T. HAJDU, V. HANDZHYISKA, K. HARVATI, T. HIGHAM, S. ILIEV, I. JANKOVIĆ, I. KARAVANIĆ, D. J. KENNETT, D. KOMŠO, A. KOZAK, D. LABUDA, M. LARI, C. LAZAR, M. LEPEK, K. LESHTAKOV, D. L. VETRO, D. LOS, I. LOZANOV, M. MALINA, F. MARTINI, K. MCSWEENEY, H. MELLER, M. MENĐUŠIĆ, P. MIREA, V. MOISEYEV, V. PETROVA, T. D. PRICE, A. SIMALCSIK, L. SINEO, M. ŠLAUS, V. SLAVCHEV, P. STANEV, A. STAROVIĆ, T. SZENICZEY, S. TALAMO, M. TESCHLER-NICOLA, C. THEVENET, I. VALCHEV, F. VALENTIN, S. VASILYEV, F. VELJANOVSKA, S. VENELINOVA, E. VESELOVSKAYA, B. VIOLA, C. VIRAG, J. ZANINOVIĆ, S. ZÄUNER, P. W. STOCKHAMMER, G. CATALANO, R. KRAUSS, D. CARAMELLI, G. ZARIŃA, B. GAYDARSKA, M. LILLIE, A. G. NIKITIN, I. POTEKHINA, A. PPATHANASIOU, D. BORIĆ, C. BONSALE, J. KRAUSE, R. PINHASI, D. REICH, The genomic history of southeastern Europe, *Nature* 555/7695, 2018, 197–203.
- MITTNIK et al. 2017
 A. MITTNIK, C.-C. WANG, S. PFRENGLE, M. DAUBARAS, G. ZARINA, F. HALLGREN, R. ALLMÄE, V. KHARTANOVICH, V. MOISEYEV, A. FURTWÄNGLER, A. ANDRADES VALTUEÑA, M. FELDMAN, C. ECONOMOU, M. OINONEN, A. VASKS, M. TÖRV, O. BALANOVSKY, D. REICH, R. JANKAUSKAS, W. HAAK, S. SCHIFFELS, J. KRAUSE, The genetic history of northern Europe, *bioRxiv*, 2017, 113241.
- MITTNIK et al. 2019
 A. MITTNIK, K. MASSY, C. KNIPPER, F. WITTENBORN, S. PFRENGLE, N. CARLICH-WITJES, H. DEEG, A. FURTWÄNGLER, M. HARBECK, K. VON HEYKING, C. KOCIUMAKA, I. KUCUKKALIPCI, S. LINDAUER, S. METZ, A. STASKIEWICZ, A. THIEL, J. WAHL, W. HAAK, E. PERNICKA, S. SCHIFFELS, P. W. STOCKHAMMER, J. KRAUSE, Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe, *Science* 366/6466, 2019, 731–734.
- MOROZOVA et al. 2020
 I. MOROZOVA, A. KASIANOV, S. BRUSKIN, J. NEUKAMM, M. MOLAK, E. BATIEVA, A. PUDEŁO, F. J. RÜHLI, V. J. SCHUENEMANN, New ancient eastern European *Yersinia pestis* genomes illuminate the dispersal of plague in Europe, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 375/1812, 2020, 20190569.
- MÜHLEMANN et al. 2018
 B. MÜHLEMANN, T. C. JONES, P. D. B. DAMGAARD, M. E. ALLENTOFT, I. SHEVNINA, A. LOGVIN, E. USMANOVA, I. P. PANYUSHKINA, B. BOLDGIV, T. BAZARTSEREN, K. TASHBAEVA, V. MERZ, N. LAU, V. SMRČKA, D. VOYAKIN, E. KITOV, A. EPIMAKHOV, D. POKUTTA, M. VICZE, T. D. PRICE, V. MOISEYEV, A. J. HANSEN, L. ORLANDO, S. RASMUSSEN, M. SIKORA, L. VINNER, A. D. M. E. OSTERHAUS, D. J. SMITH, D. GLEBE, R. A. M. FOUCHIER, C. DROSTEN, K.-G. SJÖGREN, K. KRISTIANSEN, E. WILLERSLEV, Ancient hepatitis B viruses from the Bronze Age to the Medieval period, *Nature* 557/7705, 2018, 418–423.
- NEUGEBAUER 1994
 J.-W. NEUGEBAUER (Hrsg.), *Bronzezeit in Ostösterreich. Wissenschaftliche Schriftenreihe Niederösterreich 98–101*, Wien – St. Pölten 1994.
- NEUMANN et al. 2020
 G. U. NEUMANN, A. ANDRADES VALTUEÑA, J. A. F. YATES, R. STAHL, G. BRANDT, Tooth sampling from the inner pulp chamber for ancient DNA extraction V.2, <https://www.protocols.io/view/tooth-sampling-from-the-inner-pulp-chamber-for-anc-5qpvo5rj9l4o/v2> (letzter Zugriff 9.5.2023).
- NEUMANN et al. 2022
 G. U. NEUMANN, E. SKOURTANIOTI, M. BURRI, E. A. NELSON, M. MICHEL, A. N. HISS, P. J. P. MCGEORGE, P. P. BETANCOURT, M. A. SPYROU, J. KRAUSE, P. W. STOCKHAMMER, Ancient *Yersinia pestis* and *Salmonella enterica* genomes from Bronze Age Crete, *Current Biology* 32/16, 2022, 3641–3649.e8.
- OLALDE et al. 2019
 I. OLALDE, S. MALLICK, N. PATTERSON, N. ROHLAND, V. VILLALBA-MOUÇO, M. SILVA, K. DULIAS, C. J. EDWARDS, F. GANDINI, M. PALA, P. SOARES, M. FERRANDO-BERNAL, N. ADAMSKI, N. BROOMANDKHOSHBACHT, O. CHERONET, B. J. CULLETON, D. FERNANDES, A. M. LAWSON, M. MAH, J. OPPENHEIMER, K. STEWARDSON, Z. ZHANG, J. M. JIMÉNEZ ARENAS, I. J. TORO MOYANO, D. C. SALAZAR-GARCÍA, P. CASTANYER, M. SANTOS, J. TREMOLEDA, M. LOZANO, P. GARCÍA BORJA, J. FERNÁNDEZ-ERASO, J. A. MUJICA-ALUSTIZA, C. BARROSO, F. J. BERMÚDEZ, E. VIGUERA MÍNGUEZ, J. BURCH, N. COROMINA, D. VIVÓ, A. CEBRIÀ, J. M. FULLOLA, O. GARCÍA-PUCHOL, J. I. MORALES, F. X. OMS, T. MAJÓ, J. M. VERGÈS, A. DÍAZ-CARVAJAL, I. OLLICH-CASTANYER, F. J. LÓPEZ-CACHERO, A. M. SILVA, C. ALONSO-FERNÁNDEZ, G. DELIBES DE CASTRO, J. JIMÉNEZ ECHEVARRÍA, A. MORENO-MÁRQUEZ, G. PASCUAL BERLANGA, P. RAMOS-GARCÍA, J. RAMOS-MUÑOZ, E. VIJANDE VILA,

- G. AGUILELLA ARZO, Á. ESPARZA ARROYO, K. T. LILLIOS, J. MACK, J. VELASCO-VÁZQUEZ, A. WATERMAN, L. BENÍTEZ DE LUGO ENRICH, M. BENITO SÁNCHEZ, B. AGUSTÍ, F. CODINA, G. DE PRADO, A. ESTALRRICH, Á. FERNÁNDEZ FLORES, C. FINLAYSON, G. FINLAYSON, S. FINLAYSON, F. GILES-GUZMÁN, A. ROSAS, V. BARCIELA GONZÁLEZ, G. GARCÍA ATIÉNZA, S. HERNÁNDEZ PÉREZ MAURO, A. LLANOS, Y. CARRIÓN MARCO, I. COLLADO BENEYTO, D. LÓPEZ-SERRANO, M. SANZ TORMO, A. C. VALERA, C. BLASCO, C. LIESAU, P. RÍOS, J. DAURA, M. J. DE PEDRO MICHÓ, A. A. DIEZ-CASTILLO, R. FLORES FERNÁNDEZ, J. FRANCÈS FARRÉ, R. GARRIDO-PENA, V. S. GONÇALVES, E. GUERRA-DOCE, A. M. HERRERO-CORRAL, J. JUAN-CABANILLES, D. LÓPEZ-REYES, S. B. MCCLURE, M. MERINO PÉREZ, A. OLIVER FOIX, M. SANZ BORRÀS, A. C. SOUSA, J. M. VIDAL ENCINAS, D. J. KENNETT, B. RICHARDS MARTIN, K. W. ALT, W. HAAK, R. PINHASI, C. LALUEZA-FOX, D. REICH, The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years, *Science* 363/6432, 2019, 1230–1234.
- PANY-KUCERA et al. 2020
- D. PANY-KUCERA, M. SPANNAGL-STEINER, W. PARSON, B. RENDL, C. STROBL, L. WALTENBERGER, L. JANKER, F. KANZ, K. REBAY-SALISBURY, Social relations, deprivation and violence at Schleinbach, Lower Austria: insights from an interdisciplinary analysis of the Early Bronze Age human remains, *Archaeologia Austriaca* 104, 2020, 13–52.
- PAPAC et al. 2021
- L. PAPAC, M. ERNÉE, M. DOBEŠ, M. LANGOVÁ, A. B. ROHRLACH, F. ARON, G. U. NEUMANN, M. A. SPYROU, N. ROHLAND, P. VELEMÍNSKÝ, M. KUNA, H. BRZOBOHATÁ, B. CULLETON, D. DANĚČEK, A. DANIELISOVÁ, M. DOBISÍKOVÁ, J. HLOŽEK, D. J. KENNETT, J. KLEMENTOVÁ, M. KOSTKA, P. KRIŠTUF, M. KUČAŘÍK, J. K. HLAVOVÁ, P. LIMBURSKÝ, D. MALYKOVÁ, L. MATTIELLO, M. PECINOVSKÁ, K. PETRIŠČÁKOVÁ, E. PRŮCHOVÁ, P. STRÁNSKÁ, L. SMEJTEK, J. ŠPAČEK, R. ŠUMBEROVÁ, O. ŠVEJCAR, M. TREFNÝ, M. VÁVRA, J. KOLÁŘ, V. HEYD, J. KRAUSE, R. PINHASI, D. REICH, S. SCHIFFELS, W. HAAK, Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe, *Science Advances* 7/35, 2021, eabi6941.
- PAPAGEORGOPOULOU et al. 2011
- C. PAPAGEORGOPOULOU, S. K. SUTER, F. J. RÜHLI, F. SIEGMUND, Harris lines revisited: prevalence, comorbidities, and possible etiologies, *American Journal of Human Biology* 23/3, 2011, 381–391.
- PEYRÉGNE, PETER 2020
- S. PEYRÉGNE, B. M. PETER, AuthenticCT: a model of ancient DNA damage to estimate the proportion of present-day DNA contamination, *Genome Biology* 21/1, 2020, 246.
- PRICE et al. 2019
- T. D. PRICE, R. FREI, U. BRINKER, G. LIDKE, T. TERBERGER, K. M. FREI, D. JANTZEN, Multi-isotope proveniencing of human remains from a Bronze Age battlefield in the Tollense Valley in northeast Germany, *Archaeological and Anthropological Sciences* 11/1, 2019, 33–49.
- PUTZER, FESTI, OEGGL 2016
- A. PUTZER, D. FESTI, K. OEGGL, Was the Iceman really a herdsman? The development of a prehistoric pastoral economy in the Schnals Valley, *Antiquity* 90/350, 2016, 319–336.
- RASCOVAN et al. 2019
- N. RASCOVAN, K.-G. SJÖGREN, K. KRISTIANSEN, R. NIELSEN, E. WILLERSLEV, C. DESNUES, S. RASMUSSEN, Emergence and spread of basal lineages of *Yersinia pestis* during the Neolithic decline, *Cell* 176/1, 2019, 295–305.e10.
- RASMUSSEN et al. 2015
- S. RASMUSSEN, M. E. ALLENTOFT, K. NIELSEN, L. ORLANDO, M. SIKORA, K.-G. SJÖGREN, A. G. PEDERSEN, M. SCHUBERT, A. VAN DAM, C. M. O. KAPEL, H. B. NIELSEN, S. BRUNAK, P. AVETISYAN, A. EPIMAKHOV, M. V. KHALYAPIN, A. GNUNI, A. KRISKA, I. LASAK, M. METSPALU, V. MOISEYEV, A. GROMOV, D. POKUTTA, L. SAAG, L. VARUL, L. YEPISKOPOSYAN, T. SICHERITZ-PONTÉN, R. A. FOLEY, M. M. LAHR, R. NIELSEN, K. KRISTIANSEN, E. WILLERSLEV, Early divergent strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 years ago, *Cell* 163/3, 2015, 571–582.
- REBAY-SALISBURY et al. 2018
- K. REBAY-SALISBURY, D. PANY-KUCERA, M. SPANNAGL-STEINER, F. KANZ, P. GALETA, M. TESCHLER-NICOLA, R. B. SALISBURY, Motherhood at Early Bronze Age Unterhautzenthäl, Lower Austria, *Archaeologia Austriaca* 102, 2018, 71–134.
- REBAY-SALISBURY et al. 2020
- K. REBAY-SALISBURY, L. JANKER, D. PANY-KUCERA, D. SCHUSTER, M. SPANNAGL-STEINER, L. WALTENBERGER, R. B. SALISBURY, F. KANZ, Child murder in the Early Bronze Age: proteomic sex identification of a cold case from Schleinbach, Austria, *Archaeological and Anthropological Sciences* 12/11, 2020, 265.
- REBAY-SALISBURY et al. 2022
- K. REBAY-SALISBURY, P. BORTEL, L. JANKER, M. BAS, D. PANY-KUCERA, R. B. SALISBURY, C. GERNER, F. KANZ, Gendered burial practices of Early Bronze Age children align with peptide-based sex identification: a case study from Franzhausen I, Austria, *Journal of Archaeological Science* 139, 2022, 105549.
- REITMAIER et al. 2018
- T. REITMAIER, T. DOPPLER, A. W. G. PIKE, S. DESCHLER-ERB, I. HAJDAS, C. WALSER, C. GERLING, Alpine cattle management during the Bronze Age at Ramosch-Mottata, Switzerland, *Quaternary International* 484, 2018, 19–31.
- RETTENBACHER 2004
- M. RETTENBACHER, Die Siedlung und die Gräberfelder von Schleinbach: Eine Studie zur Aunjetitz-Kultur im südlichen Weinviertel. *Archäologische Forschungen in Niederösterreich* 2, St. Pölten 2004.
- ROHLAND et al. 2015
- N. ROHLAND, E. HARNEY, S. MALLICK, S. NORDENFELT, D. REICH, Partial uracil-DNA-glycosylase treatment for screening of ancient DNA, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 370/1660, 2015, 20130624.
- ROHLAND et al. 2018
- N. ROHLAND, I. GLOCKE, A. AXIMU-PETRI, M. MEYER, Extraction of highly degraded DNA from ancient bones, teeth and sediments for high-throughput sequencing, *Nature Protocols* 13/11, 2018, 2447–2461.
- RUFF et al. 2012
- C. B. RUFF, B. M. HOLT, M. NISKANEN, V. SLADĚK, M. BERNER, E. GAROFALO, H. M. GARVIN, M. HORA, H. MAIJANEN, S. NIINIMÄKI, K. SALO, E. SCHUPLEROVÁ, D. TOMPKINS, Stature and body mass estimation from skeletal remains in the European Holocene, *American Journal of Physical Anthropology* 148/4, 2012, 601–617.
- SARRY, COURTAUD, CABEZUELO 2016
- F. SARRY, P. COURTAUD, U. CABEZUELO, La sépulture multiple laténienne du site de Gondole (Le Cendre, Puy-de-Dôme), *Bulletins*

- et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris 28/1–2, 2016, 72–83.
- SCHEIBENREITER 1953
- F. SCHEIBENREITER, Die Aunjetitz-Kultur in Niederösterreich. Dissertation, Universität Wien 1953.
- SCHLECHT 2012
- S. H. SCHLECHT, Understanding entheses: bridging the gap between clinical and anthropological perspectives, *The Anatomical Record* 295/8, 2012, 1239–1251.
- SCHUBERT, LINDGREEN, ORLANDO 2016
- M. SCHUBERT, S. LINDGREEN, L. ORLANDO, AdapterRemoval v2: rapid adapter trimming, identification, and read merging, *BMC Research Notes* 9/1, 2016, 88.
- SCHUENEMANN et al. 2011
- V. J. SCHUENEMANN, K. BOS, S. DEWITTE, S. SCHMEDES, J. JAMIESON, A. MITTNIK, S. FORREST, B. K. COOMBS, J. W. WOOD, D. J. D. EARN, W. WHITE, J. KRAUSE, H. N. POINAR, Targeted enrichment of ancient pathogens yielding the pPCP1 plasmid of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108/38, 2011, E746–E752.
- SIEGMUND 2010
- F. SIEGMUND, Die Körpergröße der Menschen in der Ur- und Frühgeschichte Mitteleuropas und ein Vergleich ihrer anthropologischen Schätzmethode. Norderstedt 2010.
- SKOURTANIOTI et al. 2023
- E. SKOURTANIOTI, H. RINGBAUER, G. A. GNECCHI RUSCONE, R. A. BIANCO, M. BURRI, C. FREUND, A. FURTWÄNGLER, N. F. GOMES MARTINS, F. KNOLLE, G. U. NEUMANN, A. TILIAKOU, A. AGELARAKIS, M. ANDREADAKI-VLAZAKI, P. BETANCOURT, B. P. HALLAGER, O. A. JONES, O. KAKAVOGIANNI, A. KANTA, P. KARKANAS, E. KATAKI, K. KISSAS, R. KOEHL, L. KVAPIL, J. MARAN, P. J. P. McGEORGE, A. PAPADIMITRIOU, A. PAPATHANASIOU, L. PAPAZOGLU-MANIODOUKI, K. PASCHALIDIS, N. POLYCHRONAKOU-SGOURITSA, S. PREVE, E.-A. PREVEDOROU, G. PRICE, E. PROTOPAPADAKI, T. SCHMIDT-SCHULTZ, M. SCHULTZ, K. SHELTON, M. H. WIENER, J. KRAUSE, C. JEONG, P. W. STOCKHAMMER, Ancient DNA reveals admixture history and endogamy in the prehistoric Aegean, *Nature Ecology & Evolution* 7/2, 2023, 290–303.
- SPRENGER 1999
- S. SPRENGER, Zur Bedeutung des Grabraubes für sozioarchäologische Gräberfeldanalysen: Eine Untersuchung am frühbronzezeitlichen Gräberfeld Franzhausen I, Niederösterreich. *Fundberichte aus Österreich*, Materialhefte A7, Horn 1999.
- SPYROU et al. 2018
- M. A. SPYROU, R. I. TUKHBATOVA, C.-C. WANG, A. A. VALTUEÑA, A. K. LANKAPALLI, V. V. KONDRASHIN, V. A. TSYBIN, A. KHOKHLOV, D. KÜHNERT, A. HERBIG, K. I. BOS, J. KRAUSE, Analysis of 3800-year-old *Yersinia pestis* genomes suggests Bronze Age origin for bubonic plague, *Nature Communications* 9/1, 2018, 2234.
- STOCKHAMMER, MASSY 2023
- P. W. STOCKHAMMER, K. MASSY, Mobility at the onset of the Bronze Age: a bioarchaeological perspective. In: M. FERNÁNDEZ-GÖTZ, C. NIMURA, P. W. STOCKHAMMER, R. CARTWRIGHT (Hrsg.), *Rethinking Migrations in Late Prehistoric Eurasia*. *Proceedings of the British Academy* 254, Oxford 2023, 170–188.
- STOCKHAMMER et al. 2015
- P. W. STOCKHAMMER, K. MASSY, C. KNIPPER, R. FRIEDRICH, B. KROMER, S. LINDAUER, J. RADOSAVLJEVIĆ, F. WITTENBORN, J. KRAUSE, Rewriting the central European Early Bronze Age chronology: evidence from large-scale radiocarbon dating, *PLoS ONE* 10/10, 2015, e0139705.
- SUN et al. 2014
- Y.-C. SUN, C. O. JARRETT, C. F. BOSIO, B. J. HINNEBUSCH, Retracing the evolutionary path that led to flea-borne transmission of *Yersinia pestis*, *Cell Host & Microbe* 15/5, 2014, 578–586.
- SUSAT et al. 2021
- J. SUSAT, H. LÜBKE, A. IMMEL, U. BRINKER, A. MACĀNE, J. MEADOWS, B. STEER, A. THOLEY, I. ZAGORSKA, G. GERHARDS, U. SCHMÖLCKE, M. KALNIŅŠ, A. FRANKE, E. PĒTERSONE-GORDINA, B. TESSMAN, M. TÖRV, S. SCHREIBER, C. ANDREE, V. BĒRZIŅŠ, A. NEBEL, B. KRAUSE-KYORA, A 5,000-year-old hunter-gatherer already plagued by *Yersinia pestis*, *Cell Reports* 35/13, 2021, 109278.
- TESCHLER-NICOLA 1994
- M. TESCHLER-NICOLA, Bevölkerungsbiologische Aspekte der frühen und mittleren Bronzezeit. In: J.-W. NEUGEBAUER (Hrsg.), *Bronzezeit in Ostösterreich*. St. Pölten – Wien 1994, 167–183.
- TROTTER 1970
- M. TROTTER, Estimation of stature from intact long bones. In: T. D. STEWART (Hrsg.), *Personal Identification in Mass Disasters*. Washington DC 1970, 71–83.
- VĀGENE et al. 2018
- Å. J. VĀGENE, A. HERBIG, M. G. CAMPANA, N. M. ROBLES GARCÍA, C. WARINNER, S. SABIN, M. A. SPYROU, A. ANDRADES VALTUEÑA, D. HUSON, N. TUROSS, K. I. BOS, J. KRAUSE, Salmonella enterica genomes from victims of a major sixteenth-century epidemic in Mexico, *Nature Ecology & Evolution* 2/3, 2018, 520–528.
- VETTER et al. 2010
- S. M. VETTER, R. J. EISEN, A. M. SCHOTTHOEFER, J. A. MONTENIERI, J. L. HOLMES, A. G. BOBROV, S. W. BEARDEN, R. D. PERRY, K. L. GAGE, Biofilm formation is not required for early-phase transmission of *Yersinia pestis*, *Microbiology* 156/7, 2010, 2216–2225.
- WAGNER et al. 2014
- D. M. WAGNER, J. KLUNK, M. HARBECK, A. DEVAULT, N. WAGLECHNER, J. W. SAHL, J. ENK, D. N. BIRDELL, M. KUCH, C. LUMBAGO, D. POINAR, T. PEARSON, M. FOURMENT, B. GOLDING, J. M. RIEHM, D. J. D. EARN, S. DEWITTE, J.-M. ROUIL-LARD, G. GRUPE, I. WIECHMANN, J. B. BLISKA, P. S. KEIM, H. C. SCHOLZ, E. C. HOLMES, H. POINAR, *Yersinia pestis* and the plague of Justinian 541–543 AD: a genomic analysis, *The Lancet Infectious Diseases* 14/4, 2014, 319–326.
- WAHL, PRICE 2013
- J. WAHL, T. D. PRICE, Local and foreign males in a Late Bronze Age cemetery at Neckarsulm, south-western Germany: strontium isotope investigations, *Anthropologischer Anzeiger* 70/3, 2013, 289–307.
- WATSON, SCHMIDT 2020
- J. T. WATSON, C. W. SCHMIDT, *Dental Wear in Evolutionary and Biocultural Contexts*. London 2020.
- WEBER 2022
- J. WEBER, Wirbelsäule. In: J. WEBER, J. WAHL, A. ZINK (Hrsg.), *Ossteologische Paläopathologie: Ein Handbuch für Anthropologen, Mediziner und Archäologen*. Berlin 2022, 241–286.
- YERSIN 1894
- A. YERSIN, La peste bubonique a Hong-Kong, *Annales de l'Institut Pasteur* 8, 1894, 662–667.

YU et al. 2020

H. YU, M. A. SPYROU, M. KARAPETIAN, S. SHNAIDER, R. RADZEVICIŪTĖ, K. NÄGELE, G. U. NEUMANN, S. PENSKE, J. ZECH, M. LUCAS, P. LEROUX, P. ROBERTS, G. PAVLENOK, A. BUZHILOVA, C. POSTH, C. JEONG, J. KRAUSE, Paleolithic to Bronze Age Siberians reveal connections with First Americans and across Eurasia, *Cell* 181/6, 2020, 1232–1245.e20.

ZHOU, YANG 2009

D. ZHOU, R. YANG, Molecular Darwinian evolution of virulence in *Yersinia pestis*, *Infection and Immunity* 77/6, 2009, 2242–2250.

ZIMBLER et al. 2015

D. L. ZIMBLER, J. A. SCHROEDER, J. L. EDDY, W. W. LATHAM, Early emergence of *Yersinia pestis* as a severe respiratory pathogen, *Nature Communications* 6/1, 2015, 7487.

Gunnar U. Neumann

Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie
Deutscher Platz 6
04103 Leipzig
Deutschland


gunnar_neumann@eva.mpg.de

 orcid.org/0000-0003-3825-8536

Fabian Kanz

Zentrum für Gerichtsmedizin
Medizinische Universität Wien
Sensengasse 2
1090 Wien
Österreich


fabian.kanz@meduniwien.ac.at

 orcid.org/0000-0001-6720-6781

Anja Furtwängler

Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie
Deutscher Platz 6
04103 Leipzig
Deutschland

anja_furtwaengler@eva.mpg.de

 orcid.org/0000-0002-1171-1655


Kurt Fiebig

ArchaeoProtect GmbH
Hauptstraße 11
7023 Pöttelsdorf
Österreich

Domnika Verdianu

Österreichisches Archäologisches Institut
Österreichische Akademie der Wissenschaften
Georg-Coch-Platz 2
1010 Wien
Österreich

domnika.verdianu@oeaw.ac.at

 orcid.org/0000-0003-4044-6480


Philipp W. Stockhammer

Institut für Vor- und Frühgeschichtliche Archäologie und
Provinzialrömische Archäologie
Ludwig-Maximilians-Universität München
Schellingstraße 12
80799 München
Deutschland

&

Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie
Deutscher Platz 6
04103 Leipzig
Deutschland

philipp.stockhammer@lmu.de

 orcid.org/0000-0003-4702-9372


Katharina Rebay-Salisbury

Institut für Urgeschichte und Historische Archäologie
Universität Wien
Franz-Klein-Gasse 1
1190 Wien
Österreich

&

Österreichisches Archäologisches Institut
Österreichische Akademie der Wissenschaften
Georg-Coch-Platz 2
1010 Wien
Österreich

katharina.rebay-salisbury@oeaw.ac.at

 orcid.org/0000-0003-0126-8693

